

PREDICCIÓN IN SILICO DE MICRORNAS DE SALMON DEL ATLANTICO (salmo salar)

**DANIELA ANDREA REYES VILLALOBOS
INGENIERO EN BIOINFORMÁTICA**

RESUMEN

El salmón del Atlántico (*Salmo salar*) es uno de los peces de producción masiva con mayor importancia a nivel mundial y nacional. El incremento de la eficiencia de su producción es crucial para asegurar la competitividad de esta industria nacional en mercados globalizados. Uno de los principales problemas, relacionados a la producción masiva de salmónidos, es el desarrollo de enfermedades, las cuales afectan directamente la tasa de sobrevivencia. Actualmente se cuenta con diversas alternativas para la prevención y control de diversas patologías virales y bacterianas que afectan a los salmones, pero la eficacia de estas estrategias es limitada debido al reducido conocimiento del sistema/respuesta inmune de salmónidos.

La expresión de un gen se ve regulada en varias etapas, siendo los microRNAs (miRNAs) una forma de regulación post-transcripcional. Los miRNAs son pequeñas moléculas de RNA, de 21-25 nucleótidos (nt), altamente conservadas y no codificantes, que mediante la inhibición de la traducción o la degradación del RNA mensajero (mRNA) blanco regulan la expresión génica. Los miRNAs se encuentran involucrados en diversos procesos, entre ellos las enfermedades y respuesta inmune inducida por virus.

En este trabajo se identificaron un total de 307 miRNAs de salmón del Atlántico, los cuales regulan aproximadamente 23.000 mRNAs, siendo un tercio de estas secuencias relacionadas a procesos inmunológicos de este organismo. Toda la información generada en este trabajo fue procesada y almacenada en una base de datos relacional con interfaz web de fácil acceso.

La predicción computacional se realizó a partir de secuencias de salmón del Atlántico y miRNAs de vertebrados disponibles, mediante la implementación de una aproximación basada en homología, complementada con estudios de estructura secundaria.

ABSTRACT

The Atlantic salmon (*Salmo salar*) is one of the most important massive production fish at global and national level. The increase of production efficiency is crucial to ensure the competitiveness of this national industry in global markets.

One of the main problems related to the mass production of salmonids, is the development of diseases, which directly affect the survival rate. There are currently alternatives for prevention and control of various viral and bacterial diseases that affect the salmon, but the effectiveness of these strategies is reduced due to limited knowledge of the system / immune response of salmonids.

In general terms, the expression of a gene is regulated in several stages, being the microRNAs a form of post-transcriptional regulation. The miRNAs are small RNA molecules, of 21-25 nt, highly conserved and non-coding, which through inhibition of translation or degradation of the target mRNA regulate the expression of a gene. The miRNAs are involved in various processes, including diseases and virus-induced immune defense.

In this work a total of 307 Atlantic salmon miRNAs were identified, which regulate approximately 23,000 mRNAs, being a third of these sequences related to immunological processes of this organism. All information generated in this work was processed and stored in a relational database with web interface of easy access.

The computational prediction was done from sequences of Atlantic salmon and vertebrate miRNAs available through the implementation of a homology-based approach, complemented with studies of secondary structure.