

**ESTUDIO DEL GRADO DE ADAPTACIÓN DE LOS VIRUS DE LA FAMILIA
ORTHOMYXOVIRIDAE AL GENOMA DE SU HOSPEDERO EL SALMÓN, SALMO SALAR.**

**FRANCISCO JOSE VERGARA HENRIQUEZ
INGENIERO EN BIOINFORMÁTICA**

RESUMEN

La frecuencia de uso de codones en el genoma viral controla varios procesos como la eficiencia traduccional y el plegamiento de proteínas. El patrón de frecuencias de uso de codones es característico para cada organismo y está en directa relación con el pool de tRNAs. Esto se traduce en que genes que codifican para proteínas con alto nivel de expresión acumulan codones de uso frecuente. Como el nivel de expresión de las proteínas está en directa relación con el metabolismo celular, y este con la historia evolutiva del organismo, se estima que la importancia metabólica de las proteínas codificadas pueden actuar como fuerza de selección en la secuencia génica a través de las mutaciones silentes. Para que los virus puedan cumplir adecuadamente su ciclo infectivo, enfrentan el desafío de expresar sus proteínas dentro del hospedero, adaptando su genoma para así poder expresar adecuadamente sus proteínas y replicarse exitosamente. En Chile el virus ISA (anemia infecciosa del salmón) ha sido causante de grandes pérdidas económicas en las salmoneras del sur del país. De este modo se busca saber cuál es el grado evolutivo y de adaptación del virus a su hospedero y analizar si existe alguna afinidad evolutiva de parte del virus hacia la utilización de vías metabólicas de su hospedero el salmón (*Salmo salar*).

El grado de adaptación evolutiva y de eficiencia de traducción puede ser estimado bioinformáticamente utilizando el uso relativo de codones sinónimos (RSCU), el índice TW, y el índice de adaptación del codón (CAI). En las proteínas virales de ISA se realizó el cálculo de estos índices, el cual fue comparado con los valores de los mismos índices con respecto a otros miembros de la familia Orthomyxoviridae. Para una adecuada contextualización con el metabolismo de sus respectivos hospederos también se realizó el cálculo los índices TW, CAI y RSCU de las proteínas del respectivo hospedero, las cuales fueron previamente clasificadas en: procesos biológicos, función molecular y componente celular mediante la herramienta GeneOntology.

ABSTRACT

The frequency in the use of codons in the viral genome controls several processes like translational efficiency and protein folding. The pattern of frequencies of use of codons is characteristic for every organism and is in direct relation with the pool of tRNAs. This translates in that genes that codify for proteins with a high level of expression accumulate codons of frequent use. As the level of expression of proteins is in direct relation to the cellular metabolism, and the latter with the evolutionary history of the organism, it is estimated that the metabolic importance of the codified proteins can act like a force of selection in the nucleotide sequence through silent mutations. For viruses to be able to adequately accomplish their infective cycle, they face the challenge of expressing their proteins inside the host, adapting their genome in order to express adequately their proteins and replicate successfully. In Chile, ISA virus has caused large economic losses in the industries of salmon in the south of the country. Thus, we seek to know which is the evolutionary degree and of adaptation of the virus to its hosts and analyze if there exists any evolutionary affinity of the virus towards the use of metabolic paths of its host, the salmon.

The degree of evolutionary adaptation and efficiency in translation can be bioinformatically estimated using the Relative Synonymous Codon Usage (RSCU), the TW index, and the Codon Adaptation Index (CAI). In the viral proteins of ISA, these calculations were made, which were compared with the same indexes respect to other members of Orthomyxoviridae family. For an adequate contextualization with the metabolism of their respective hosts, we also calculated the indexes TW, CAI and RSCU of the proteins of their respective hosts, which were previously classified in: biological processes, molecular functions and cellular components through the bioinformatic tool GeneOntology.