

ANÁLISIS GENÓMICO COMPARATIVO DE BORRADORES GENÓMICOS PARA EL ESTUDIO DE DIVERSIDAD GENÉTICA EN CEPAS DE *Piscirickettsia salmonis*

**DARWIN ALBERTO GUZMÁN MANSILLA
INGENIERO EN BIOINFORMÁTICA**

RESUMEN

Piscirickettsia salmonis, es el agente etiológico de la Septicemia Rickettsial del Salmón (SRS) o *Piscirickettsiosis*, enfermedad que afecta la producción del salmón a diferentes latitudes con un particular impacto al sur de Chile, donde ha sido responsable de las mayores pérdidas económicas. A pesar de la importancia de este patógeno, existe escasa información sobre las bases moleculares de su fisiología y otros aspectos relevantes de su ciclo de vida y patogénesis.

Utilizando tecnología Illumina, bases de datos públicas y herramientas bioinformáticas, en el laboratorio de la división de bio-cómputo se ensambló y anotó el “draft” genómico de la cepa tipo *Piscirickettsia salmonis* LF-89, además de *Piscirickettsia salmonis* EM-90, y 2 aislados ambientales desde peces infectados en operaciones de acuicultura al sur de Chile. Con estas cepas se llevó a cabo la construcción del “core” y pan-genoma de *Piscirickettsia salmonis*, y además se aplicaron estrategias filogenéticas y filogenómicas.

Un análisis genómico comparativo reveló que esta bacteria podría compartir un origen evolutivo común con miembros del género *Coxiella* y *Legionella*, el cual sumado a conservados grupos de genes ortólogos, entrega pistas sobre una potencial pérdida/ganancia de genes, que han conformado el genoma de la cepa *Piscirickettsia salmonis* LF-89.

Este trabajo presenta el primer análisis comparativo entre cepas de *Piscirickettsia salmonis*, lo que potenciará la interpretación de información experimental disponible y además entrega las bases moleculares para futuras investigaciones experimentales. Este trabajo también proporciona una plataforma de información para investigar la evolución de este género con el fin de explicar mejor la interacción de este patógeno con su huésped y además proporciona información valiosa sobre los factores de virulencia y patogenicidad, lo que abre nuevas perspectivas para el desarrollo de herramientas de detección y control más eficaces.

Palabras clave: Genómica comparativa *Piscirickettsia salmonis*.

ABSTRACT

Piscirickettsia salmonis, the etiological agent of the Salmonid Rickettsial Septicaemia (SRS), or Piscirickettsiosis, disease that has affected salmon production at different latitudes with particular impact in southern Chile, wherein has been responsible for major economic losses. Despite the importance of this pathogen, only scarce information about molecular basis of his physiology and other relevant aspects of its life cycle and pathogenesis.

Using the Illumina technology, public databases and bioinformatics tools, in bio-computing division laboratory, it was sequenced, assembled and annotated the draft genome sequences of the type strain *Piscirickettsia salmonis* LF-89, *Piscirickettsia salmonis* EM-90, and two environmental strain isolated from infected fish from aquaculture operations in the south of Chile. With this strains it was carried the construction the *Piscirickettsia salmonis*' "core" and pan-genome. Also the strategic application of phylogenetic and phylogenomic.

A comparative genomic analysis revealed this bacterium could share a common evolutionary origin with members of the *Coxiella* and *Legionella* genus, which in addition with conserved clusters of orthologous genes analysis, provided clues about the potential gene loss/gain events that have shaped the genome of *Piscirickettsia salmonis* LF-89 strains.

This work presents the first comparative genomic analysis between *Piscirickettsia salmonis* strains, information that will aid in the interpretation of available experimental information and provide the molecular basis for future experimental research. This work also provides an informational platform to investigate the evolution of this genus in order to better explain the interactions of this pathogen with the salmonid host, providing valuable information about virulence and pathogenicity factors, which could open new perspectives for the development of more effective disease detection and control strategies.

Keywords: Comparative genomics *Piscirickettsia salmonis*.