

ÁREAS TEMÁTICAS: Virus de animales.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.512.216>

ACV-2025-075

Diseño y evaluación *in silico* de miRNAs con potencial para inducir silenciamiento postranscripcional del gen *Rep* (ORF1) en circovirus porcino tipo 2 (PCV2)

ANDRÉS FELIPE GUERRA-RODRÍGUEZ¹, EDWIN F. SÁNCHEZ-LÓPEZ²,
ADIS AYALA-FAJARDO³

¹ Estudiante, Semillero de Investigación en Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Matemáticas y Naturales, Universidad Distrital Francisco José de Caldas, Bogotá (Colombia).

² Investigador, Grupo de Investigación en Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias y Educación, Universidad Distrital Francisco José de Caldas, Bogotá (Colombia).

³ Directora, Grupo de Investigación en Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Matemáticas y Naturales, Universidad Distrital Francisco José de Caldas, Bogotá (Colombia).

Correspondencia: Edwin F. Sánchez-López. efsanchezl@udistrital.edu.co. Adis Ayala-Fajardo. aayala@udistrital.edu.co

RESUMEN

Introducción: El circovirus porcino tipo 2 (PCV2) es un virus desnudo con genoma ssDNA de 1.768 con alta variabilidad genética ($1,2 \times 10^{-3}$ sustituciones puntuales anuales) y diversidad de genotipos. El material genético de PCV2 tiene 11 marcos abiertos de lectura (ORF). Los ORF1 y ORF2 son regiones codificantes de transcritos principales. El gen *Cap* (ORF2) codifica la proteína de la cápside y es blanco de tratamientos contra PCV2. Esta región es de gran variabilidad, mientras que el gen *Rep* (ORF1) es el más conservado, siendo una secuencia óptima para estrategias de silenciamiento génico. A este virus se le atribuye un conjunto de enfermedades asociadas (PCVAD) en cerdos (*Sus scrofa*), con una tasa de letalidad del 80 %. El propósito de este trabajo fue diseñar y evaluar *in silico* secuencias de miRNAs dirigidas hacia *Rep*.

Métodos: Se buscó una región de alta conservación (percentil 1 % de Z-score, entropía de Shannon) mediante alineamientos múltiples generados con MUSCLE a partir de 4560 secuencias de NCBI-Virus, en Bioconda y Jupyter Lab con librerías de Biopython. Los haplotipos del género *Circovirus* se compararon para evaluar la dinámica evolutiva de PCV2 mediante análisis filogenético de máxima verosimilitud en MEGA 11. La evaluación de la estabilidad de los complejos miRNA/mRNA, AGO2/miRNA y AGO2/miRNA/mRNA se realizó con VMD, NAMD y GROMACS para el ajuste de topología, minimización y dinámica molecular.

Resultados: Se encontró que la región codificante de la subunidad ATPasa es la más conservada (>98 %), destacando el segmento 762 a 784 nt (Z-score < -1547) como blanco potencial. Se diseñaron 2 miRNAs dirigidos a este intervalo genómico, los cuales presentaron bajo porcentaje de cobertura respecto a mRNA endógenos (*off-target*) y alta estabilidad de unión para la región blanco de Rep-mRNA.

Conclusiones: La evaluación computacional de los candidatos indicó que son viables como una potencial estrategia de silenciamiento génico para PCV2.

Palabras clave: bioinformática, dinámica molecular, genómica viral, microRNA, silenciamiento, PCV2.