

## **APLICACIÓN WEB DEL ICA PARA LA CONSTRUCCIÓN DE UNA BASE DE DATOS DE MICROORGANISMOS DEL RUMEN, BASADA EN UN RAPIDO ALGORITMO DE RECONOCIMIENTO DE CARACTERES**

**Yumis Figueroa<sup>1</sup>, Rachid Alí<sup>2</sup>, Alina Agramonte<sup>2</sup>, Juana Galindo<sup>1</sup>, Niurca González<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>*Instituto de Ciencia Animal, Cuba, [yumis@ica.co.cu](mailto:yumis@ica.co.cu)*

<sup>2</sup>*Universidad de Las Ciencias Informáticas, Cuba*

Uno de los pasos más importantes para la caracterización de un ecosistema ruminal es la descripción de los organismos que habitan en él. En estudios microbianos recientes, las técnicas moleculares han sustituido a las técnicas clásicas de cultivo durante la identificación y caracterización de nuevas comunidades. Este trabajo tiene como objetivo proponer una aplicación web capaz de gestionar la información a partir de una base de datos de genes de ARN ribosomal 16S de microorganismos del rumen, que brinde los servicios para el análisis de secuencias. Se destaca entre ellas una novedosa técnica para la clasificación taxonómica basada en un algoritmo de búsqueda de patrones de homología entre genes flanqueados por cebadores específicos extraídos de GenBank. Se consideraron las distancias de ocurrencias entre los cebadores dados, así como la permisividad de hasta tres errores y la presencia de caracteres degenerados. El sistema se validó al utilizar un conjunto prueba de secuencias conocidas, las cuales se extrajeron previamente del análisis y se lograron clasificar correctamente en un 87% de los casos. Del rumen se logró asignar un grupo taxonómico a 304 microorganismos que se corresponden con un 92.68% de los microorganismos difíciles de cultivar en el laboratorio. Este trabajo conllevó a la elaboración de la primera base de datos de microorganismos del rumen reportada hasta el momento en la literatura y la misma aplicación pudiera emplearse para la caracterización de otros ecosistemas microbianos.

**Palabras clave: microorganismos del rumen, análisis de secuencias, genes ARN 16S, clasificación taxonómica.**