

## Evaluación de la respuesta inmune en doradas tras la administración de una vacuna inactivada frente a betanodavirus

Juan Gémez-Mata, Rocío Leiva-Rebollo, Patricia Moreno, Juan José Borrego, Esther García-Rosado, Alejandro Labella, Dolores Castro

Departamento de Microbiología, Instituto de Biotecnología y Desarrollo Azul, IBYDA, Universidad de Málaga, Málaga, España

El virus de la necrosis nerviosa (VNN), género *Betanodavirus*, familia *Nodaviridae*, es el agente etiológico de la necrosis nerviosa viral, enfermedad que afecta a peces cultivados en todo el mundo. Existen cuatro especies de este virus con distinta distribución geográfica y rango de hospedador, habiéndose detectado también recombinantes de los segmentos genómicos RNA1 y RNA2 procedentes de los tipos RGNNV y SJNNV, respectivamente, que se asocian con brotes de la enfermedad en lenguado senegalés (*Solea senegalensis*) y dorada (*Sparus aurata*) cultivados en el sur de Europa (Bandín y Souto, 2020). Recientemente se ha desarrollado una vacuna inactivada utilizando una cepa recombinante RGNNV/SJNNV aislada de lenguado que confiere una protección moderada frente a la enfermedad en lenguados juveniles (Valero y col., 2021). El objetivo del presente estudio es evaluar la inducción de la respuesta inmune en dorada tras la vacunación. Para ello, se tomaron muestras de riñón cefálico y cerebro de doradas vacunadas y sin vacunar a los 2, 3 y 7 días post-vacunación (dpv), analizándose la expresión de 56 inmunogenes mediante la plataforma OpenArray®. La respuesta frente a la vacuna consistió en una extensa desregulación temprana de la expresión de inmunogenes. Así, se detectaron 27 genes expresados diferencialmente (DEG) en riñón a los 2 y/o 3 dpv, estando todos ellos subregulados, a excepción de *rag1* que se sobreexpresó en este órgano a los 2 dpv. De igual forma, en cerebro se observaron 36 DEG a 2 dpv, todos ellos subregulados, 17 de los cuales seguían estándolo a 3 dpv. A 7 dpv solo se detectó un DEG, el gen *il6*, que apareció sobreexpresado en cerebro. Los genes *rtp3*, *mx1*, *mx2*, *mx3* e *ifit1* se mostraron desregulados en todas las muestras analizadas.

Financiación:

Proyecto RTI2018-094687-B (MCIU/AEI/FEDER, EU)

Referencias:

Bandín y Souto (2020) *Pathogens* 9: 106.

Valero y col. (2021) *Vaccines* 9:458.