

Estimulación del sistema mediado por Interferón tipo I de lenguado senegalés (*Solea senegalensis*) en respuesta a infecciones por betanodavirus

Podadera AM¹, Alvarez-Torres D¹, Souto S², Garcia-Rosado E¹, Bandín I², Alonso MC¹

¹Universidad de Málaga, Departamento de Microbiología; ²Universidad de Santiago de Compostela, Instituto de Acuicultura

El Virus de la Necrosis Nerviosa Viral (VNNV) (género *Betanodavirus*, familia *Nodaviridae*) es un virus patógeno que afecta a muchas especies piscícolas, incluyendo al lenguado senegalés. Los betanodavirus se clasifican en cuatro genotipos, siendo los genotipos *Striped Jack Nervous Necrosis Virus* (SJNNV), *Red-spotted Grouper Nervous Necrosis Virus* (RGNNV) y virus recombinantes RGNNV-SJNNV los que causan mortalidad en lenguado. Sin embargo, en condiciones experimentales es el recombinante el que provoca mayor mortalidad. Las diferencias en la tasa de mortalidad pueden indicar variaciones en la interacción entre los distintos genotipos y el sistema inmune de lenguado. El sistema del interferón tipo I (IFN I) es un componente esencial de la respuesta inmune frente a infecciones virales, induciendo la expresión de genes que codifican proteínas antivíricas (ISG), tales como la Mx, la ISG15 y la PKR. El objetivo del presente trabajo ha sido cuantificar la transcripción de *Mx*, *ISG15* y *PKR* en respuesta a infecciones por SJNNV, RGNNV y un recombinante RG-SJ. Los animales (10 g de media) se inyectaron intraperitonealmente con los tres aislados de VNNV (10^4 TCID₅₀/pez). Mediante PCR a tiempo real se cuantificó la transcripción de las ISG en riñón cefálico, así como el número de copias de ARN viral en tejido nervioso, a distintos tiempos post-infección (p.i.). Animales inyectados con L15 y poli I:C se utilizaron como controles negativos y positivos, respectivamente. Los tres aislados indujeron la transcripción de las ISG analizadas, excepto *ISG15*, que no se indujo tras la inoculación con RG-SJ, y *Mx*, que no fue inducida por RGNNV. Además, el análisis del número de copias de genoma viral mostró que el aislado RG-SJ replica más eficientemente que RGNNV y SJNNV.