

El Grupo de Marcadores Inmunológicos en Organismos Acuáticos del Instituto de Biología de la Pontificia Universidad Católica de Valparaíso impulsó un seguimiento en campo, a través de la toma de muestras de diferentes órganos de *S. salar*, por un período de 10 meses. En ese tiempo, se pudo detectar brotes de SRS y se pudieron obtener poblaciones de peces SRS+ y SRS-. Este hecho permitió realizar un estudio poblacional en base a la expresión de 39 genes asociados a respuesta inmune. Los resultados obtenidos indican que, en branquias, riñón anterior y bazo de los peces de las poblaciones SRS+ expresan, principalmente, genes de respuesta inmune innata. Asimismo, destacan la expresión de péptidos antimicrobianos como catelicidina y hepcidina, además de citoquinas proinflamatorias: TNF-alpha e IL-1 beta y la antiinflamatoria: IL-10. Seguido del estudio poblacional, se hizo análisis de protoma y transcriptoma de branquias de peces SRS+ versus SRS- y se obtuvieron interesantes resultados que coinciden con lo observado a nivel poblacional respecto de la respuesta inmune innata.

Además, se verificó que la inmunidad alterna entre respuestas de tipo M1 /M2. Estas se refieren a macrófagos pro-inflamatorios (M1) o anti-inflamatorios (M2). La tendencia al fenotipo M2 hizo al equipo de investigación revisar el análisis poblacional donde el incremento de la expresión de catelicidina podría estar asociado a una función inmunosupresora de los péptidos antimicrobianos, lo que favorece el fenotipo M2, que es reparador tisular. En este seminario, se entregarán evidencias acerca de la factibilidad que los peces salmónidos en cultivo podrían desarrollar fenotipos tolerogénicos durante la respuesta inmune a un patógeno.