



ALLIANCE™

[.https://www.globalseafood.org](https://www.globalseafood.org)Health &
Welfare

Estimación de parámetros genéticos para el crecimiento y características del camarón blanco del Pacífico

19 August 2024

By Dr. Xianhong Meng

Ambos modelos genómicos probaron una precisión de predicción significativamente mejorada en comparación con el modelo basado en pedigrí, y la mejora más notable se observó en la resistencia al virus



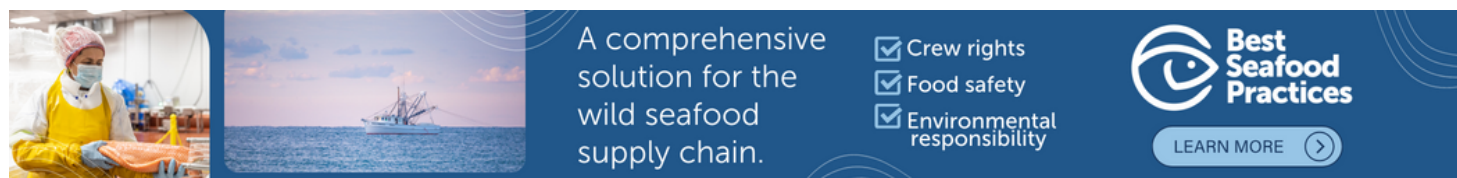
Este estudio estimó los parámetros genéticos de los rasgos de crecimiento y la resistencia al virus del síndrome de la mancha blanca en el camarón blanco del Pacífico. A través de ensayos de desafío viral controlado, se evaluaron los valores fenotípicos de cinco rasgos: peso corporal, longitud total, longitud corporal, longitud de la cola y tiempo de supervivencia posterior a la infección. Ambos modelos genómicos utilizaron una precisión de predicción significativamente mejorada en comparación con el modelo basado en pedigrí, y la mejora más notable se observó en la resistencia al virus. Las correlaciones genéticas entre el crecimiento y la resistencia al WSSV obtenidas a partir de los tres métodos fueron consistentemente bajas y negativas. Estos hallazgos brindan información valiosa para los programas de cría de *L. vannamei*.

El camarón blanco del Pacífico (*Litopenaeus vannamei*) se introdujo en China en 1988 y su producción acuícola ha aumentado muy rápidamente. Sin embargo, la escasez de recursos de germoplasma superior limita severamente el desarrollo de la industria acuícola del camarón en China. Con la continua expansión de la escala de cultivo de camarones y la adopción de modelos de cultivo intensivo de alta densidad, los brotes de enfermedades son cada vez más frecuentes durante el proceso de cultivo. El virus del síndrome de la mancha blanca (WSSV) ha sido particularmente devastador desde 1992.

La cría selectiva presenta una potente estrategia para el control de enfermedades. Hasta ahora, el Comité Nacional de Certificación de Variedades Acuáticas de China ha aprobado doce nuevas variedades de *L. vannamei*, siendo el crecimiento el rasgo de mayor interés para la industria, y 11 de estas 12 variedades exhiben características de crecimiento superiores. Pero existe una demanda urgente del mercado para la cría de nuevas variedades que combinen tanto la tasa de crecimiento como la resistencia al WSSV.

La estimación precisa de los parámetros genéticos para los rasgos objetivos es fundamental para los programas de cría, en particular para orientar la formulación de índices de selección, la retención de la población de cría y las estrategias de apareamiento. Numerosos estudios han documentado los niveles de heredabilidad de la resistencia del camarón al WSSV. Dada la compleja historia genética de las diferentes poblaciones de *L. vannamei*, la evaluación de los parámetros genéticos está significativamente influenciada por la estructura de la población, los métodos de infección y los métodos de evaluación.


Este artículo – **resumido** (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>), de la **publicación original** (<https://doi.org/10.3390/ani14121817>). (Sui, J. et al. 2024. Estimation of Genetic Parameters for Growth and WSSV Resistance Traits in *Litopenaeus vannamei*. *Animals* 2024, 14(12), 1817 – informa sobre un estudio para estimar los parámetros genéticos de los rasgos de crecimiento y la resistencia al virus del síndrome de la mancha blanca en el camarón blanco del Pacífico.



A comprehensive solution for the wild seafood supply chain.

- Crew rights
- Food safety
- Environmental responsibility

Best Seafood Practices

LEARN MORE 

(<https://bspcertification.org/>).

Configuración del estudio

El camarón experimental utilizado en este estudio fue de la población G1 establecida en Bangpu Seed Technology Co., Ltd., ciudad de Weifang, Provincia de Shandong, China. Ocho lotes de poblaciones comerciales de *L. vannamei* se introdujeron desde los Estados Unidos y Ecuador en 2019, con cuatro lotes siendo grupos altamente resistentes y cuatro lotes siendo grupos de rápido crecimiento. Se produjeron veinte familias en seis días a través del apareamiento entre camarones machos y hembras seleccionados en una proporción de 1:1 dentro de cada grupo, que se probaron para estar libres del síndrome de Taura (TSV), necrosis hipodérmica y hematopoyética (IHHNV), enfermedad de necrosis hepatopancreática aguda (AHPND) y WSSV.

Este estudio realizó pruebas de crecimiento y resistencia al WSSV en linajes de progenie derivados de estas poblaciones importadas. Mediante la combinación de datos fenotípicos, genotípicos y de pedigrí, se realizó una estimación de parámetros genéticos asociados con el peso corporal (BW), la longitud total (OL), la longitud corporal (BL), la longitud total (TL) y los rasgos de resistencia al WSSV utilizando varias metodologías genómicas.

Estas metodologías incluyeron la Mejor Predicción Lineal Inssegada Genómica (GBLUP), muy valorada por su precisión de selección mejorada que permite la evaluación del muestreo mendeliano entre individuos utilizando marcadores de todo el genoma. Sin embargo, la secuenciación de una gran cantidad de individuos reproductores sigue siendo significativamente costosa. Para abordar esto, se ideó el método de Mejor Predicción Lineal Inssegada Genómica de un Solo Paso (ssGBLUP), que incorpora una matriz de relación pedigrí-genómica. GBLUP se ha utilizado para estimar parámetros genéticos relacionados con la resistencia contra *Vibrio parahaemolyticus* en *L. vannamei* y para el crecimiento y la resistencia a enfermedades en el **camarón banana** (<https://doi.org/10.3390/ani10101724>). (*Fenneropenaeus merguensis*). Estos estudios han demostrado una considerable precisión predictiva en evaluaciones genéticas realizadas utilizando GBLUP y ssGBLUP.

Para obtener información detallada sobre el diseño experimental, la cría de animales, el muestreo, la recopilación de datos y los análisis, consulte la publicación original.



Evaluación del riesgo de transmisión en camarones cocidos infectados con WSSV

Los camarones cocidos exportados infectados con el virus del síndrome de la mancha blanca (WSSV) y con resultado positivo por PCR se consideran un factor de riesgo para la introducción del patógeno.



Global Seafood Alliance

Resultados y discusión

En la cría selectiva de *L. vannamei*, los rasgos de crecimiento como BL y BW son objetivos primarios, que atraen la atención constante de los criadores. Por lo tanto, la estimación precisa de los parámetros genéticos se vuelve fundamental para estimar los valores de cría, formular programas de cría y dilucidar los mecanismos genéticos subyacentes a estos rasgos. Sin embargo, el enfoque predominante en estos estudios ha sido la utilización de otro método genómico, la predicción lineal imparcial de pedigrí (pBLUP), que se basa en la información del pedigrí. Numerosas investigaciones a nivel mundial han profundizado en la estimación de parámetros genéticos para rasgos de crecimiento en *L. vannamei*.

En este estudio, el método pBLUP se combinó con los datos fenotípicos de 1017 individuos de 20 familias para evaluar las heredabilidades de los rasgos BW, OL, BL y TL en *L. vannamei*, que se encontraron en $0,810 \pm 0,103$, $0,654 \pm 0,201$, $0,690 \pm 0,205$ y $0,399 \pm 0,158$, respectivamente. La heredabilidad del BW estimado mostró un nivel considerable, que puede estar significativamente influenciado por el conjunto de datos (estructura de la población) y el entorno de prueba. El conjunto de datos es relativamente pequeño, con solo 1014 individuos finalmente incluidos en el análisis.

La profundidad del pedigrí de los individuos de prueba es de solo dos generaciones, y los individuos parentales se obtienen de forma extensa y se consideran no relacionados. Las variaciones entre familias se atribuyen principalmente a diferencias genéticas. Durante el período de cultivo comunal de dos meses, la densidad de población fue relativamente baja (22 animales por metro cuadrado), lo que

permitió diferencias significativas en el crecimiento individual, con un alto coeficiente de variación en el peso individual (32,2 por ciento). Estos factores afectaron significativamente los resultados de los parámetros genéticos, y estudios posteriores deberían aumentar el número de individuos de prueba.

El WSSV siempre ha sido un foco importante de investigación en *L. vannamei*, y la cría selectiva para rasgos de resistencia a este importante virus es el siguiente paso para los criadores. En comparación con los rasgos de crecimiento, menos estudios han informado sobre la evaluación de los parámetros genéticos para la resistencia al WSSV en *L. vannamei*.

En este estudio, la heredabilidad del rasgo de resistencia al WSSV en *L. vannamei* evaluada según el método pBLUP no fue significativamente diferente de 0 ($p > 0,05$). Además, tuvo una precisión de predicción de $0,186 \pm 0,058$ y un sesgo de $1,620 \pm 0,215$, lo que sugiere una precisión de predicción relativamente baja y un sesgo relativamente alto en comparación con los rasgos de crecimiento. Cuando se combinó la información del genotipo para la evaluación basada en el método GBLUP, la precisión de predicción aumentó en un 63,44 por ciento, el sesgo disminuyó en un 26,48 por ciento y la heredabilidad resultante fue de $0,088 \pm 0,081$.

Además, cuando se combinaron la información del pedigrí y el genotipo para la evaluación basada en el método ssGBLUP, la precisión de la predicción aumentó en un 122,58 por ciento, el sesgo disminuyó en un 50,12 por ciento y la heredabilidad resultante fue de $0,198 \pm 0,066$.

Se ha demostrado que existe una fuerte correlación positiva entre los rasgos de crecimiento en *L. vannamei*, lo que sugiere un vínculo estrecho entre los genes que rigen el peso corporal (BW) y los resultados favorables (longitud corporal (BL)). En consecuencia, la **selección simultánea** (<https://doi.org/10.1046/j.1365-2109.2003.00913.x>) de BW junto con BL puede producir más. En este estudio, estimamos las correlaciones genéticas y fenotípicas entre los rasgos BL, BW, OL y TL utilizando varios modelos de evaluación que incorporan información genotípica. Nuestros hallazgos se hicieron eco de estudios anteriores, lo que indica efectos mínimos de los modelos en las correlaciones genéticas y los fenotipos.

Además, investigamos las correlaciones genéticas y fenotípicas entre el crecimiento y los rasgos de resistencia a WSSV utilizando diferentes modelos. Nuestros resultados revelaron que los modelos tuvieron un impacto relativamente menor, con el crecimiento y los rasgos de WSSV que exhibieron correlaciones genéticas que van desde -0,198 a -0,019 y correlaciones fenotípicas desde -0,443 a -0,115.

Estudios de correlación genética entre el crecimiento y La resistencia a enfermedades virales a menudo muestra asociaciones negativas en animales acuáticos. Por ejemplo, Argue y colaboradores informaron una correlación genética de -0,46 entre el crecimiento y la **resistencia al síndrome de Taura** ([https://doi.org/10.1016/S0044-8486\(01\)00830-4](https://doi.org/10.1016/S0044-8486(01)00830-4)) en camarones. Y Fu y colaboradores **encontraron correlaciones genéticas** (<https://doi.org/10.1016/j.aqrep.2023.101572>), que iban desde -0,034 a -0,573 entre el crecimiento y la resistencia al WSSV. En peces, Bangera et al. informaron correlaciones genéticas de -0,25 y 0,032 entre la tasa de crecimiento y la **vibriosis y la necrosis nerviosa viral** (<https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2011.04.018>), respectivamente, y ambas no fueron significativamente diferentes de cero. Y **Cock et al.** (<https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2008.09.011>), propusieron que los genes de resistencia pueden encontrar presiones selectivas antagónicas, lo que lleva a una frecuencia de equilibrio que no llega a la fijación completa.

Dada la prolífica capacidad reproductiva de los camarones, la recolección extensiva de poblaciones diversas permite la construcción de numerosas familias para pruebas de resistencia, lo que facilita la identificación de fuentes de resistencia incluso a bajas frecuencias. Es imperativo incorporar coeficientes de ponderación económica o asignaciones porcentuales tanto para los rasgos de crecimiento como para los rasgos de resistencia al WSSV en los programas de cría de *L. vannamei*. El desarrollo de un índice de selección compuesto de múltiples rasgos puede facilitar la evaluación y selección de reproductores de alta calidad.

Perspectivas

Este estudio demostró que la heredabilidad de los rasgos relacionados con el crecimiento obtenidos a partir de los métodos GBLUP y ssGBLUP fue menor que la obtenida a partir de pBLUP, mientras que la heredabilidad de la resistencia a WSSV fue mayor que la obtenida a partir de pBLUP. La precisión predictiva de los rasgos de crecimiento y la resistencia a WSSV obtenida a partir de los métodos GBLUP y ssGBLUP fue mayor que la del método pBLUP, con sesgos predictivos menores que pBLUP. Las correlaciones genéticas de crecimiento y resistencia a WSSV obtenidas a partir de los tres métodos fueron bajas y negativas. Los hallazgos de este estudio ofrecen metodologías y conocimientos valiosos para evaluar los parámetros genéticos en *L. vannamei*, sentando las bases para futuros programas de mejoramiento y desarrollo de variedades.

Author



DR. XIANHONG MENG

Corresponding author

State Key Laboratory of Mariculture Biobreeding and Sustainable Goods, Yellow Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Science, Qingdao 266071, China; and Laboratory for Marine Fisheries Science and Food Production Processes, Qingdao Marine Science and Technology Center, Qingdao 266237, China

mengxianhong@ysfri.ac.cn (<mailto:mengxianhong@ysfri.ac.cn>)

Copyright © 2024 Global Seafood Alliance

All rights reserved.