

Heredabilidad y correlaciones genéticas para caracteres de susceptibilidad al Virus de la Necrosis Hipodérmica y Hematopoyética Infecciosa (IHHNV), supervivencia, morfología y crecimiento en una población de langostino blanco del pacífico (*Penaeus vannamei*) del programa de mejora genética PMG-BIOGEMAR® de Ecuador.

H. S. Shin¹, Á. Lorenzo-Felipe¹, M. Martínez Soler¹, L. Pachón³, D. González³, E. Mero³, M. J. Zamorano¹, J. F. Martín², M. Tomalá³, J. A. Lince⁴, E. R. Abad⁴, J. M. Afonso^{1*}

¹Aquaculture Research Group (GIA), Institute of Sustainable Aquaculture and Marine Ecosystems (IU-ECOQUA), Universidad de las Palmas de Gran Canaria (ULPGC), 35214, Gran Canaria, Spain.

²The National Institute of Agricultural and Food Research and Technology (INIA), Ctra. De La Coruña, Madrid, Spain.

³Biotechnology and Marine Genetic S.A. (BIOGEMAR), Mar Bravo, Salinas, Santa Elena, Ecuador.

⁴PRODUMAR, Tambo, Durán, Ecuador.

* Corresponding autor: juanmanuel.afonso@ulpgc.es

Resumen

En la producción de *P. vannamei*, las enfermedades son causas importantes de pérdidas económicas, donde el IHHNV es una de las enfermedades que afecta a un gran número de poblaciones en todo el mundo. El objetivo de este estudio fue estimar la heredabilidad y las correlaciones genéticas, bajo condiciones industriales de producción en Ecuador, para caracteres de crecimiento (peso, longitud), morfología (ancho del primer segmento abdominal, longitud del cefalotórax, factor de condición) y tolerancia a la infección por IHHNV (supervivencia, nivel de Ct_{IHHNV}, número de copias de IHHNV) en animales infectados naturalmente del PMG-BIOGEMAR®. Las heredabilidades fueron entre bajas-medias para caracteres de crecimiento y de morfología. Los caracteres de supervivencia a IHHNV, nivel de Ct_{IHHNV} y el número de copias de IHHNV mostraron variación genética aditiva baja (0,01-0,18). La correlación genética entre el peso y los caracteres de susceptibilidad al IHHNV (supervivencia, nivel de Ct_{IHHNV} y número de copias de IHHNV) fue muy baja o poco consistente. Además, la correlación genética entre la supervivencia con el nivel de Ct_{IHHNV} y con el número de copias de IHHNV fue de 0,25 y -0,35, respectivamente. Por lo que la selección genética a favor del peso parece no implicar un deterioro de la supervivencia o una mayor susceptibilidad a la infección por el IHHNV, en la población del PMG-BIOGEMAR® del sector industrial ecuatoriano.

Keywords: Heredabilidad, Correlación genética, Supervivencia, Crecimiento, Penaeus vannamei

Introducción

El IHHNV es una enfermedad vírica muy extendida en la producción de camarones en Asia y América Latina, como patógeno endémico (OIE, 2022). Además, el IHHNV afecta a todas las etapas de la vida de los animales portadores por transmisión horizontal y vertical, por lo tanto, a priori, el IHHNV es considerado como un factor importante para la producción y para el desarrollo de programas de cría del sector industrial. En este sentido, las actualizaciones de los estudios epidemiológicos se hacen muy necesarios de cara a conocer el impacto del IHHNV en las industrias de langostino blanco ecuatoriana. Según la OIE, entre 2012 y 2019 se han notificado un total de 25 casos de IHHNV en esteros de engorde en Ecuador (Aranguren *et al.*, 2022). El objetivo de este estudio fue estimar y analizar parámetros genéticos, incluyendo heredabilidad y correlación genética entre caracteres de crecimiento (peso y longitud), morfológicos (longitud del cefalotórax, ancho del primer segmento abdominal), de supervivencia y niveles de infección por IHHNV (Ct y carga viral o número de copias), mediante prueba diagnóstica utilizando PCR cuantitativa (sondas TaqMan y ADN plasmídico, respectivamente) en *P. vannamei*, bajo infección natural en una población de animales pertenecientes a la cuarta generación del programa de mejora genética para crecimiento a tamaño de

sacrificio, de la empresa BIOGEMAR S.A. (Grupo ALMAR, Ecuador), a escala industrial en sistema de cultivo semi-extensivo.

Material y métodos

Se utilizó una muestra al azar de 10.893 animales criados bajo un sistema de cultivo intensivo (en tanques), descendientes de la cuarta generación (F4) del programa mejora genética PMG-BIOGEMAR®, de la especie *P. vannamei*, de la empresa BIOGEMAR S.A., San Pablo, Ecuador, provenientes de un total de 99 familias de hermanos completos constituidas a partir 88 machos y 120 hembras, mediante inseminación artificial. La población fue evaluada para los caracteres de peso, longitud, ancho del primer segmento abdominal, longitud del cefalotórax, factor de condición, supervivencia a la infección por IHHNV, y nivel de C_{tIHHNV} y número de copias de IHHNV después de la infección, a la edad de sacrificio comercial. Las componentes de varianza se estimaron para obtener las estimaciones de los parámetros genéticos mediante Restricted Maximum Likelihood (REML) y todas las estimaciones se realizaron con el programa VCE (v 6.0). Para calcular el número de copias del virus se utilizó como estándar un plásmido de referencia que contiene la secuencia del IHHNV (Laboratorio de patología de acuicultura, Tucson, Universidad de Arizona). La cuantificación preliminar mostró que el número de copias detectadas variaba con la cantidad de ADN total utilizado en la QPCR ($R^2 \approx 99\%$).

Resultados y discusión

1. Genotipado y asignación parental.

Se analizó un total de 10.893 descendientes individuales de *P. vannamei* (F4). La asignación parental promedio utilizando una matriz de 143 SNP (Centro de Tecnologías de Acuicultura, CAT, San Diego, California) fue del 85%. 99 familias de hermanos completos estuvieron representadas en el análisis con 23 familias de medios hermanos paternos y 6 maternos. El número promedio de descendientes por familia de hermanos completos fue 93,1, y el número de reproductores contribuidos fue de 77 padres y 93 madres (Tabla 1).

Tabla 1. Resumen de la estructura genética que incluye familias de hermanos completos y medios hermanos, número de padres y madres utilizados para producir *P. vannamei* de cuarta generación (F4) y número promedio de descendientes por familia.

Asignación parental (%)	85%
Padres contribuidos	77
Madres contribuidas	93
Familias de hermanos completos	99
Familias de medio hermano materno	6
Familias de medio hermano paterno	23
Número medio de descendencia por familia	93.1

2. Estimación de parámetros genéticos.

La correlación genética entre el peso al sacrificio y la supervivencia fue poco consistente, y su baja estima entre el peso y los parámetros después de la infección por IHHNV (nivel de C_{tIHHNV} y número de copias de IHHNV), parecen ser favorables para la mejora del crecimiento en *P. vannamei* (Tabla 2). Estos resultados no están en concordancia con Rai *et al.* (2012), quienes establecieron que la presencia del IHHNV en los animales causa variación del tamaño y la calidad del camarón comercial (algo muy extendido entre el sector camaronero). Sin embargo, Aranguren *et al.* (2022) describieron que en las poblaciones industriales de Ecuador no existe diferencia de peso significativo entre animales infectados y libres de la infección por IHHNV (medida a través del número de copias de IHHNV), en poblaciones de cuatro regiones de Ecuador con prevalencias variables de la enfermedad (3,3% - 100%). En nuestro estudio, la correlación genética entre los caracteres que miden la infección del IHHNV (nivel de C_{tIHHNV} y número de copias de IHHNV) fue muy consistente,

mientras que la supervivencia con dichos caracteres fue poco consistente, lo cual está de acuerdo con los resultados de Taengchaiyaphum *et al.* (2021), quienes confirmaron una reducción significativa en el número de copias de IHHNV en *P. vannamei*, donde la copia viral circular de IHHNV estaba presente. Todos estos resultados ponen de relieve que episodios de la enfermedad infecciosa del IHHNV no penaliza la selección a favor del crecimiento en *P. vannamei*, en condiciones industriales de engorde, en poblaciones de la empresa BIOGEMAR S.A.

Tabla 2. Estimación de los parámetros genéticos, incluidas las heredabilidades (en negrita en la diagonal, con \pm error estándar), la correlación genética (en cursiva sobre la diagonal) y la correlación fenotípica (bajo la diagonal) de *P. vannamei*, al momento del sacrificio.

	Weight	Length	SW1	CL	Survival	IHHNVct	Copy number	CF
Weight	0.30 \pm 0.07	<i>0.98 \pm 0.02</i>	<i>0.93 \pm 0.03</i>	<i>0.88 \pm 0.05</i>	<i>0.29 \pm 0.29</i>	<i>0.01 \pm 0.12</i>	<i>0.05 \pm 0.06</i>	<i>0.47 \pm 0.23</i>
Length	0.7	0.15 \pm 0.04	<i>0.92 \pm 0.05</i>	<i>0.92 \pm 0.03</i>	<i>0.22 \pm 0.22</i>	<i>0.05 \pm 0.12</i>	<i>0.05 \pm 0.12</i>	<i>0.31 \pm 0.27</i>
SW1	0.53	0.35	0.12 \pm 0.03	<i>0.82 \pm 0.07</i>	<i>0.17 \pm 0.29</i>	<i>0.00 \pm 0.11</i>	<i>0.05 \pm 0.07</i>	<i>0.23 \pm 0.23</i>
CL	0.61	0.59	0.38	0.18 \pm 0.04	<i>0.21 \pm 0.24</i>	<i>0.07 \pm 0.10</i>	<i>0.04 \pm 0.08</i>	<i>0.02 \pm 0.28</i>
Survival	0.02	0.01	0	0.02	0.01 \pm 0.01	<i>0.25 \pm 0.19</i>	<i>-0.35 \pm 0.20</i>	<i>-0.17 \pm 0.39</i>
IHHNVct	0.06	0.08	0.05	0.12	0.02	0.17 \pm 0.02	<i>-0.84 \pm 0.04</i>	<i>-0.15 \pm 0.17</i>
Copy number	-0.04	-0.08	-0.02	-0.1	-0.01	-0.5	0.18 \pm 0.02	<i>0.08 \pm 0.18</i>
CF	0.19	-0.56	0.13	-0.13	0	-0.04	0.07	0.02 \pm 0.01

Conclusión

Este estudio muestra estimas significativas y útiles para el sector industrial de camarón en Ecuador, líder mundial de producción de esta especie, donde existe cierta susceptibilidad genética a los procesos de infección con el virus IHHNV, como denota la variación genética aditiva baja del nivel de Ct_{IHHNV} y número de copias de IHHNV. Además, la baja correlación genética entre los caracteres de crecimiento y los caracteres de la enfermedad, indican que episodios de la enfermedad a escala industrial no condiciona la selección a favor del crecimiento en langostino blanco en Ecuador.

Agradecimientos

Este estudio ha contado con el apoyo de BIOGEMAR S.A. (Referencia: C2021_72) y la Universidad de Las Palmas y Gran Canaria, en el contexto del programa de cría de camarón denominado PMG-BIOGEMAR. Gracias a los desarrolladores de VCE-análisis, Javier Lorenzo (IUSIANI) y VCE-ejecutor, Álvaro Lorenzo Felipe (IU-ECOQUA), respectivamente.

Referencias

- Aranguren, C. *et al.* 2022. PLoS ONE 17(8): e0272456. DOI:10.1371/journal.pone.0272456.
- OIE. 2022. WAHIS interface. In: World Organization for Animal Health.
- Rai, P. *et al.* 2011. Virus Research 158: 37-45. DOI: 10.1016/j.virusres.2011.03.005.
- Taengchaiyaphum, S, P. *et al.* 2021. Frontiers in Immunology. 12: 3979. DOI:10.3389/fimmu.2021.729528.