

MEJORA GENÉTICA

Estimación de parámetros genéticos para la susceptibilidad y prevalencia del virus de la necrosis hipodérmica y hematopoyética infecciosa (IHHNV), crecimiento y supervivencia al tamaño de cosecha del langostino blanco, *Penaeus vannamei* del programa mejora genética, PMG_BIOGEMAR[®], del sector industrial del Ecuador.

H. S. Shin¹, Á. Lorenzo-Felipe¹, M. Martínez Soler¹, M. J. Zamorano¹, W. I. Díaz², R. Torres³, E. R. Abad³, 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), Telde, Spain, ²Biotechnology and Marine Genetic S.A. (BIOGEMAR), Mar Bravo, Salinas, Santa Elena, Ecuador, ³PRODUMAR, Tambo, Durán, Ecuador

Abstract

In *P. vannamei* farming, diseases are important causes of economic losses, and IHHNV is one of the diseases of *P. vannamei*, which affects a large number of populations worldwide. The aim of this study was to estimate the heritability and genetic correlations of IHHNV infection levels from naturally infected animals, growth, morphological traits, condition factor and survival, in *P. vannamei* from PMG-BIOGEMAR[®] breeding program for growth under industrial conditions of production in Ecuador. Heritability for growth and morphological traits were low-medium (0.01-0.30). Survival, IHHNV Ct values, copy number and condition factor showed low heritability (0.01-0.18). The genetic correlation between weight-IHHNV Ct values/copy number, and weight-survival trait were very low. Furthermore, the genetic correlation between IHHNV Ct values/copy number-survival trait were low (0.25 and -0.35, respectively), which means that genetic selection in favor of weight has no effect on survival or susceptibility to IHHNV infection, and IHHNV infection does not affect survival in the population from PMG-BIOGEMAR[®] breeding program of the Ecuadorian industrial sector.

Resumen

En la producción de *P. vannamei*, las enfermedades son causas importantes de pérdidas económicas, y IHHNV es una de las enfermedades de *P. vannamei* 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 de nivel de infección de IHHNV de animales infectados naturalmente, crecimiento, caracteres morfológicos, factor de condición y supervivencia, en *P. vannamei* del PMG-BIOGEMAR[®] para crecimiento en condiciones industriales de producción en Ecuador. La heredabilidad para caracteres de crecimiento y morfológicos fue baja-media (0,01-0,30). La supervivencia, IHHNV Ct, el número de copias y el factor de condición mostraron una heredabilidad baja (0,01-0,18). La correlación genética entre peso-IHHNV Ct/número de copias, y peso-supervivencia fue muy baja. Además, la correlación genética entre IHHNV Ct/número de copias y la supervivencia fue baja (0,25 y -0,35, respectivamente), lo que significa que la selección genética a favor del peso no tiene ningún efecto sobre la supervivencia o la susceptibilidad a la infección por el IHHNV, y que la infección por el IHHNV no afecta a la supervivencia en la población del PMG-BIOGEMAR[®] del sector industrial ecuatoriano.

Introducción

El IHHNV está muy extendido en la producción de camarones en Asia y América Latina como patógeno endémico y afecta a un gran número de poblaciones en todo el mundo (OIE, 2022). Además, IHHNV afecta a todas las etapas de la vida por transmisión horizontal y vertical, por lo tanto, IHHNV tiene que ser considerado como un factor importante no sólo para la producción, sino también para ser incluido en el programa de cría del sector industrial. 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, anclaje del primer segmento), de supervivencia y niveles de infección por IHHNV (Ct y carga viral) mediante prueba diagnóstica utilizando PCR cuantitativa y ADN plasmídico en *P. vannamei* naturalmente infectado de cuarta generación de programa de mejoramiento para crecimiento a escala industrial en sistema de cultivo semi-extensivo (núcleo) de Ecuador, a tamaño de cosecha.

Material y métodos

Se recopilaron datos de la cuarta generación (F4) del programa mejora genética ECUANARIA y se analizó *P. vannamei* producido a partir de reproductores F3, ubicados en BIOGEMAR S.A., San Pablo, Ecuador. Un total de 99 familias full-sib fueron conducidas a partir de reproductores F3 que fueron seleccionados (143 padres y 387 madres) y luego apareados (88 machos y 120 hembras) por inseminación artificial para producir F4. Un total de 10,893 *P.vannamei* de 99 familias de hermanos completos fueron cultivado bajo un sistema de cultivo intensivo (tanque) (BIOGEMAR, Ecuador), y fueron evaluados para parámetros genéticos al tamaño de cosecha. Los componentes de la 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).

Resultados y discusión

La baja correlación genética entre el peso y la infección de IHHNV/supervivencia en el tamaño de cosecha podría ser la información positiva para las empresas ecuatorianas que llevan a cabo el programa mejora genética para mejorar el crecimiento de *P. vannamei*. En particular, IHHNV causa variación de tamaño que en última instancia afecta la calidad del camarón comercial (Rai *et al.*, 2012) como es bien conocido en Ecuador, y este estudio mostró que la baja correlación genética entre los caracteres relacionados con el tamaño y la infección de IHHNV/supervivencia en el tamaño de cosecha, significa que no hay correlación entre el crecimiento y la susceptibilidad a IHHNV en *P.vannamei* de la línea genética para el crecimiento. Además, la infección por IHHNV no tiene ningún efecto sobre la supervivencia, demostrado por la baja correlación genética en este estudio, y este resultado es apoyado por Taengchaiyaphum *et al.* (2021) que 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 parecen tener un efecto positivo para permitir el progreso continuo del programa de mejoramiento genético dirigido a mejorar el carácter de crecimiento en el sector industrial camarónero del Ecuador.

Tabla 1. Estimación de los parámetros genéticos, incluidas las heredabilidades (en negrita en la diagonal, con \pm error estándar) y la correlación genética (en cursiva sobre la diagonal) de *P. vannamei*, en el tamaño de cosecha.

	Weight	Length	SWI	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>
SWI	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

Palabras clave

Penaeus vannamei, Crecimiento, IHHNV, Supervivencia

Bibliografía

OIE. 2022. WAHIS interface. In: World Organization for Animal Health.

Rai, P., M.P. Safeena, I. Karunasagar, I. Karunasagar. 2011. Complete nucleic acid sequence of *Penaeus stylirostris* densovirus (PstDNV) from India. *Virus Research*. 158: 37-45.

Taengchaiyaphum, S, P. Buathongkam, S. Sukthaworn, P. Wongkhaluang, K. Sritunyalucksana, T.W. Flegel. 2021. Shrimp Parvovirus Circular DNA Fragments Arise From Both Endogenous Viral Elements and the Infecting Virus. *Frontiers in Immunology*. 12: 3979.

Agradecimiento

Este estudio ha sido apoyado por BIOGEMAR S.A. (Referencia: C2021_72).

Correo del Autor

hyunsuk.shin@ulpgc.es