

Reproducción y Mejora Genética I,II

ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS GENÉTICOS PARA RESISTENCIA A AHPND, CAUSADA POR *VIBRIO PARAHAEMOLYTICUS*, Y SU RELACIÓN CON EL CRECIMIENTO EN *PENAEUS VANNAMEI*

Marina Martínez Soler, Hyun Suk Shin, Álvaro Lorenzo Felipe, María Jesús Zamorano Serrano, Laura Cristina Pachón Mesa, Eduardo Reyes Abad, Luis Fernando Aranguren, Roberto Carvalheiro, Wagdy Mekkawy, Jenny Rodríguez, Cristóbal Domínguez Borbor, Stanislaus Sonnenholzner Juan Manuel Afonso López,

GIA-ECOQUA, Universidad de las Palmas de Gran Canaria

Resumen

La enfermedad “*acute hepatopancreatic necrosis disease*” (AHPND) causada por la bacteria *Vibrio parahaemolyticus*, es una de las principales causas de pérdidas económicas en el sector del langostino blanco (*Penaeus vannamei*). Así, encontrar animales resistentes a la enfermedad es un reto para los acuicultores, de cara a mantener los elevados niveles productivos en Ecuador. El objetivo del presente trabajo es estimar las heredabilidades y correlaciones genéticas de la resistencia a AHPND y su relación con los caracteres de crecimiento, que son el principal objetivo de los programas de selección genética en la industria. Para alcanzar este propósito se realizaron dos experimentos de infección con 3.345 individuos pertenecientes al programa de mejora genética PMG-BIOGEMAR[®]. Previamente a los experimentos se midió el peso y la longitud y se marcaron individualmente con VIE, y posteriormente, se midió la supervivencia y el nivel de infección. Los parámetros genéticos de las variables mencionadas fueron estimados mediante dos métodos estadísticos: Método de máxima verosimilitud restringida (REML) y muestreo de Gibbs. Las heredabilidades obtenidas fueron medias para el crecimiento y muy bajas para el nivel de infección. En cuanto a la supervivencia la heredabilidad fue muy baja para REML: 0.04 y moderada para el muestreo de Gibbs: 0.22-0.26. La correlación genética entre la resistencia a AHPND y el crecimiento en la especie es alta y positiva (> 0.55), lo que permite una selección indirecta de este carácter, difícil y costoso de medir.

Introducción

Ecuador es el líder productor y exportador del langostino blanco, *P. vannamei*. A pesar de la alta presencia de patógenos en sus estuarios industriales, la producción no ha dejado de crecer, alcanzando 1,2 millones de toneladas en 2012 (CNA-ECUADOR). Aunque *V. parahaemolyticus* no causa en Sudamérica las elevadas mortalidades que causa en Asia, es importante el desarrollo de líneas resistentes o tolerantes que permitan la disminución de las pérdidas económicas causadas por la enfermedad y mantener así los niveles productivos. El objetivo del presente trabajo es la estimación de los parámetros genéticos de caracteres de resistencia a AHPND en una población de langostino blanco de Ecuador y su relación con los caracteres de crecimiento, que son los más empleados en los programas de mejora genética de la especie.

Material y métodos

Se utilizaron 3.245 individuos, seleccionados genéticamente para el crecimiento según el método: “Optimal Contribution Selection (OCS)” (Meuwissen, 1997), pertenecientes a la quinta generación del programa de mejora genética PMG-BIOGEMAR[®], que fueron trasladados al centro de investigaciones marinas CENAIM-ESPOL desde la empresa BIOGEMAR S.A. En el centro se realizaron dos experimentos de infección, un primero con 2×10^5 CFU/ml e infección mediante inmersión (2.250 langostinos retados de 0.80 gr, aproximadamente) y un segundo experimento con 2×10^8 CFU/gr e infección mediante el alimento (882 animales retados de 4 gr aproximadamente). Antes de la primera infección se midió el peso y la longitud de cada animal y se marcaron individualmente mediante VIE. Posteriormente a la infección, se volvió a medir el peso y la longitud y se tomó el sexto segmento. De cada sexto segmento, que contiene parte del intestino, se extrajo el ADN para identificar genéticamente a cada individuo y medir el nivel de infección mediante análisis de *qPCR* para las toxinas *pirA* y *pirB* de la bacteria *V. parahaemolyticus*. Las

heredabilidades y correlaciones genéticas para los caracteres mencionados se estimaron mediante dos metodologías estadísticas: el método REML con el software VCE (v6.0) y muestreo de Gibbs con el software GIBBS2F90, considerando la supervivencia como carácter continuo y binario o categórico.

Resultados y discusión

Alrededor de un 80% de todos los animales utilizados en los experimentos fueron asignados a dos reproductores pertenecientes a 155 familias del programa. En la Tabla 1 se muestran las heredabilidades y correlaciones genéticas obtenidas mediante el método REML para los caracteres: *longitud inicial* (LI), *longitud final* (LF) *peso inicial* (WI) *peso final* (WF), *supervivencia* (SUR) y *niveles de infección: Ct pirA* y *Ct pirB*. Estimaciones similares fueron obtenidas para todos los caracteres estudiados tanto con el método REML como muestreo de Gibbs. Sin embargo, las heredabilidades fueron superiores para la supervivencia (~ 0.20) cuando esta era analizada como variable categórica con muestreo de Gibbs para ambos experimentos. Las estimaciones de heredabilidades se asemejan a las reportadas anteriormente por otros autores (Castillo-Juárez *et al.*, 2018; Campos-Montes *et al.*, 2020; Lyu *et al.*, 2020). Las correlaciones genéticas entre los caracteres de crecimiento y resistencia AHPND son altas y positivas (> 0.55) para todas las metodologías aplicadas. Estas elevadas correlaciones genéticas permiten una selección indirecta de los caracteres de resistencia frente a AHPND en *P. vannamei*, los cuales son difíciles y costosos de medir.

Tabla 1. Heredabilidades (en la diagonal), correlaciones fenotípicas (bajo de la diagonal) y correlaciones genéticas (sobre la diagonal) obtenidas mediante el método REML en *P. vannamei* bajo infección de AHPND causada mediante *V. parahaemolyticus* por inmersión (media \pm error típico).

	LI	LF	WI	WF	SUR	CT PIRA	CT PIRB
LI	0.15 \pm 0.04	0.93 \pm 0.04	0.97 \pm 0.02	0.96 \pm 0.04	0.95 \pm 0.22	0.78 \pm 0.31	0.46 \pm 0.28
LF	0.72	0.23 \pm 0.04	0.94 \pm 0.03	0.99 \pm 0.01	0.88 \pm 0.16	0.43 \pm 0.58	0.21 \pm 0.25
WI	0.85	0.76	0.22 \pm 0.05	0.95 \pm 0.03	0.75 \pm 0.47	0.45 \pm 0.34	0.28 \pm 0.26
WF	0.73	0.87	0.83	0.23 \pm 0.04	0.99 \pm 0.03	0.30 \pm 0.48	0.21 \pm 0.24
SUR	0.03	0.06	0.04	0.04	0.04 \pm 0.03	-0.56 \pm 0.80	-0.46 \pm 0.52
CT PIRA	0.09	0.05	0.06	0.08	0.1	0.01 \pm 0.01	1.00 \pm 0.00
CT PIRB	0.11	0.08	0.08	0.09	0.11	0.71	0.03 \pm 0.02

Bibliografía

- Castillo-Juárez Castillo-Juárez. H., Montaldo H.H., Campos-Montes. G.R., J.C. Quintana-Casares. S.A. Soto-Rodríguez. Betancourt-Lozano. M., Martínez-Ortega. A., Lozano-Olvera. R., Gómez-Gil. B., Caballero-Zamora. Gallaga-Maldonado. E.P., 2018. Heritability. Genetic Line and Inbreeding Effects on Resistance of Whiteleg Shrimp *Penaeus vannamei* Boone 1931 to Acute Hepatopancreatic Necrosis Disease (AHPND) in Mexico. Asian Fisheries Science 88-101.
- Campos-Montes, G., Caballero-Zamora, A., Montaldo, H.H., Montoya-Rodríguez, L., Gómez-Gil B., Soto-Rodríguez S.A., Martínez-Ortega, A., Quintana-Casares, J.C., Castillo-Juárez, H., 2020. Genetic (co)variation in resistance of Pacific white shrimp *Litopenaeus vannamei* to acute hepatopancreatic necrosis disease (AHPND) and white spot syndrome virus (WSSV) in challenge test. Aquaculture 520, 734994.
- CNA, 2022. CÁMARA NACIONAL DE AQUACULTURA. <https://www.cna-ecuador.com/estadisticas/>.
- Meuwissen. T.H.E. Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding. J. Anim. Sci 75: 934-40.
- Lyu, D., Yu, Y. Zhang, Q., Luo, Z., Wang, Q., Xiang, J., Li, F., 2020. Estimating genetic parameters for resistance to *Vibrio parahaemolyticus* with molecular markers in Pacific white shrimp. Aquaculture 527, 735439.

XIX Congreso Nacional de Acuicultura 2024

Las Palmas de Gran Canaria 17 a 20 junio 2024