



ALLIANCE™

<https://www.globalseafood.org>Health &
Welfare

Selección genómica para resistencia al Virus del Síndrome de la Mancha Blanca en camarones blancos del Pacífico

18 October 2021

By Nicholas Andrew Robinson, Ph.D.

Los resultados muestran una mejor supervivencia bajo una prueba de desafío experimental

La enfermedad causada por el Virus del Síndrome de la Mancha Blanca (WSSV) es un problema grave para la industria camaronera mundial, ya que infecta a todas las principales especies de camarones cultivados y es muy virulenta, y normalmente causa la muerte en unos pocos días. Las prácticas de acuicultura, principalmente destinadas a eliminar el agente causal, pueden reducir los riesgos económicos asociados con la enfermedad de la mancha blanca, pero la eliminación en los sistemas de cultivo en estanques abiertos a menudo es imposible.

La mejora simultánea del crecimiento y la resistencia al WSSV con la selección tradicional se complica por una correlación genética negativa entre estos rasgos. La ganancia genética reportada por generación para la resistencia al WSSV varía del 1,7 al 6,5 por ciento. La selección genómica [un concepto basado en el uso de información del ADN para obtener un valor genético directo del animal]



Este es el primer estudio con camarón blanco del Pacífico (*Litopenaeus vannamei*) que demuestra una ganancia genética realizada a partir de la selección genómica. La selección genómica es particularmente prometedora para los programas de selección que desafían a los animales vivos con agentes infecciosos cuando los supervivientes no pueden utilizarse posteriormente como reproductores. Foto de Fernando Huerta.

se ha propuesto como la forma más eficaz de selección disponible para los rasgos cuantitativos típicos [rasgos observables determinados conjuntamente por muchos genes con efectos pequeños y el efecto del entorno]. La selección genómica podría usarse para mejorar la ganancia genética en la resistencia al WSSV.

Este artículo – adaptado y resumido de la **publicación original** (<https://doi.org/10.1038/s41598-020-77580-3>) [Lillehammer, M. et al. 2020. Genomic selection for white spot syndrome virus resistance in whiteleg shrimp boosts survival under an experimental challenge test. *Sci Rep* 10, 20571 (2020)] – reporta sobre un estudio para determinar el poder y la precisión de la selección genómica para mejorar la resistencia al WSSV en el camarón blanco o patiblanco del Pacífico (*Litopenaeus vannamei*). Los camarones fueron desafiados experimentalmente con WSSV y la resistencia se evaluó como vivo o muerto (DOA) 23 días después de la infestación.

Configuración del estudio

En nuestro estudio, utilizamos dos poblaciones de *L. vannamei* que habían sido criadas selectivamente durante varias generaciones por Benchmark Genetics (antes Ceniagua) en Colombia (Fig. 1). La primera población se derivó de una operación de cría en la Costa Atlántica de Colombia que comenzó en 1997; esta población no ha estado expuesta al WSSV y en este documento se la denomina línea susceptible (línea S). La selección combinada familiar y dentro de la familia de esta población se centró en el crecimiento rápido, la resistencia al Virus del Síndrome de Taura, la supervivencia general en estanque, y la robustez durante 16 generaciones bajo estrictos protocolos de bioseguridad. La segunda población, aquí referida como la línea resistente (línea R), se derivó de una población del Océano Pacífico en 2008, y se seleccionó en masa con alta intensidad para sobrevivir en presencia de WSSV durante siete generaciones.

Estas poblaciones de camarón del Atlántico y del Pacífico se mantuvieron aisladas en sus respectivas costas (Caribe y Pacífico) de Colombia. Todos los animales utilizados en nuestro estudio se consideraron ingenuos (no infectados con el virus). Los animales de la línea S se sometieron a pruebas de PCR cada tres meses para todos los patógenos del camarón enumerados por la Organización Mundial de Sanidad Animal (OIE (<https://www.oie.int/>)) y se encontró que eran negativos para todos estos patógenos enumerados durante más de cuatro años. Antes de la prueba de desafío, una muestra representativa de los animales de la línea R también se sometió a prueba por PCR y resultó negativa.

En nuestro estudio, desafiábamos experimentalmente a familias de camarones con el virus WSSV y usamos datos de genotipos de criadores desafiados y candidatos para evaluar el poder y la precisión de la selección genómica para mejorar la resistencia al WSSV. Los candidatos de reproducción (G0, generación cero) se clasificaron en términos de valores genómicos de reproducción [capacidad prevista para transmitir ciertos rasgos a la siguiente generación] para la resistencia al WSSV. Los candidatos de reproducción se aparearon para producir dos poblaciones G1 (primera generación), una con valores genómicos estimados de reproducción altos y la otra con valores genómicos bajos. En una prueba de desafío se comparó la supervivencia de las poblaciones G1 y la descendencia de reproductores apareados “aleatoriamente.”

Para obtener información detallada sobre el diseño experimental y la cría de animales; pruebas de desafío a WSSV; muestreo y genotipado de tejidos; y varios análisis genéticos y estadísticos, consulte la publicación original.

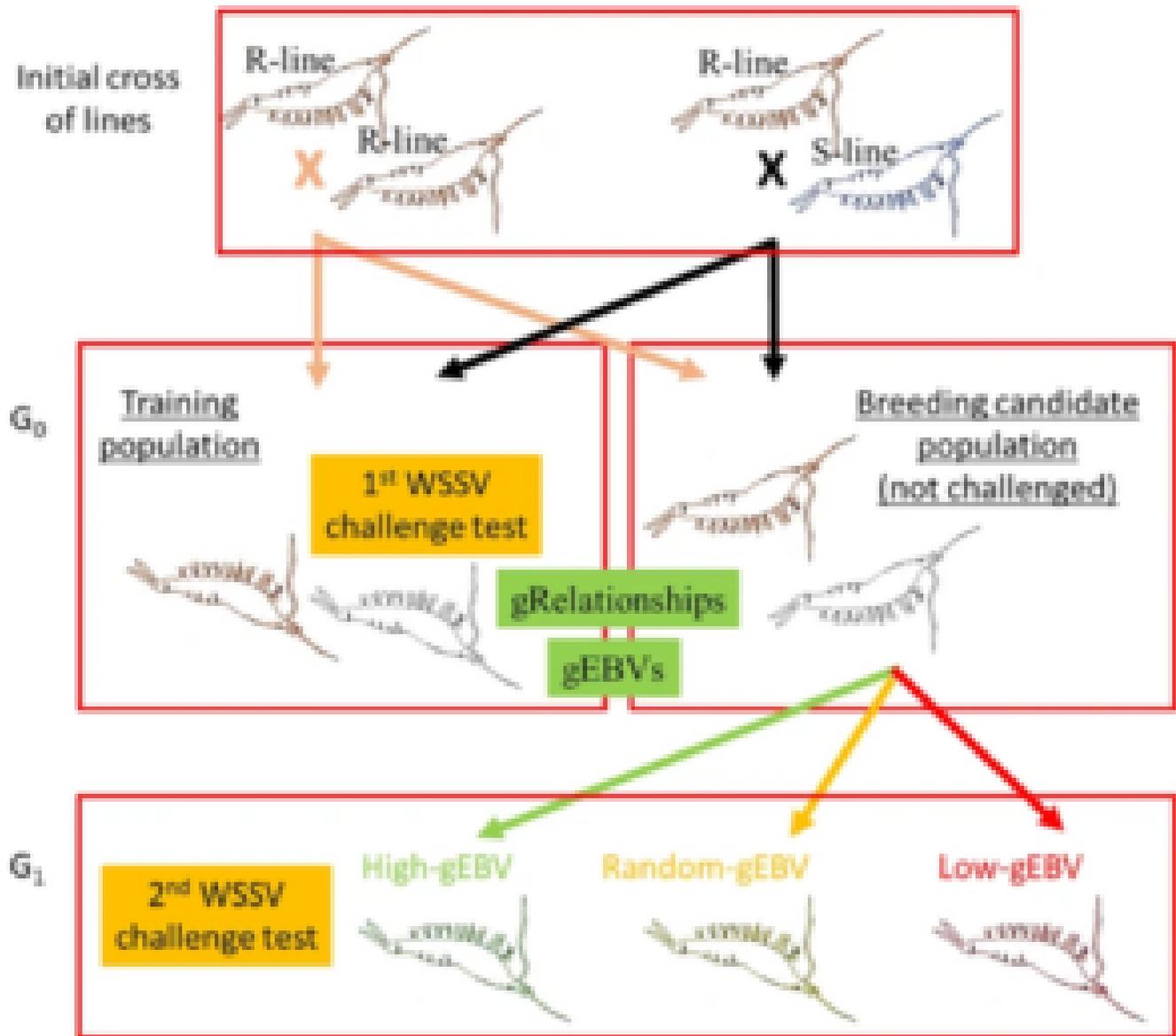
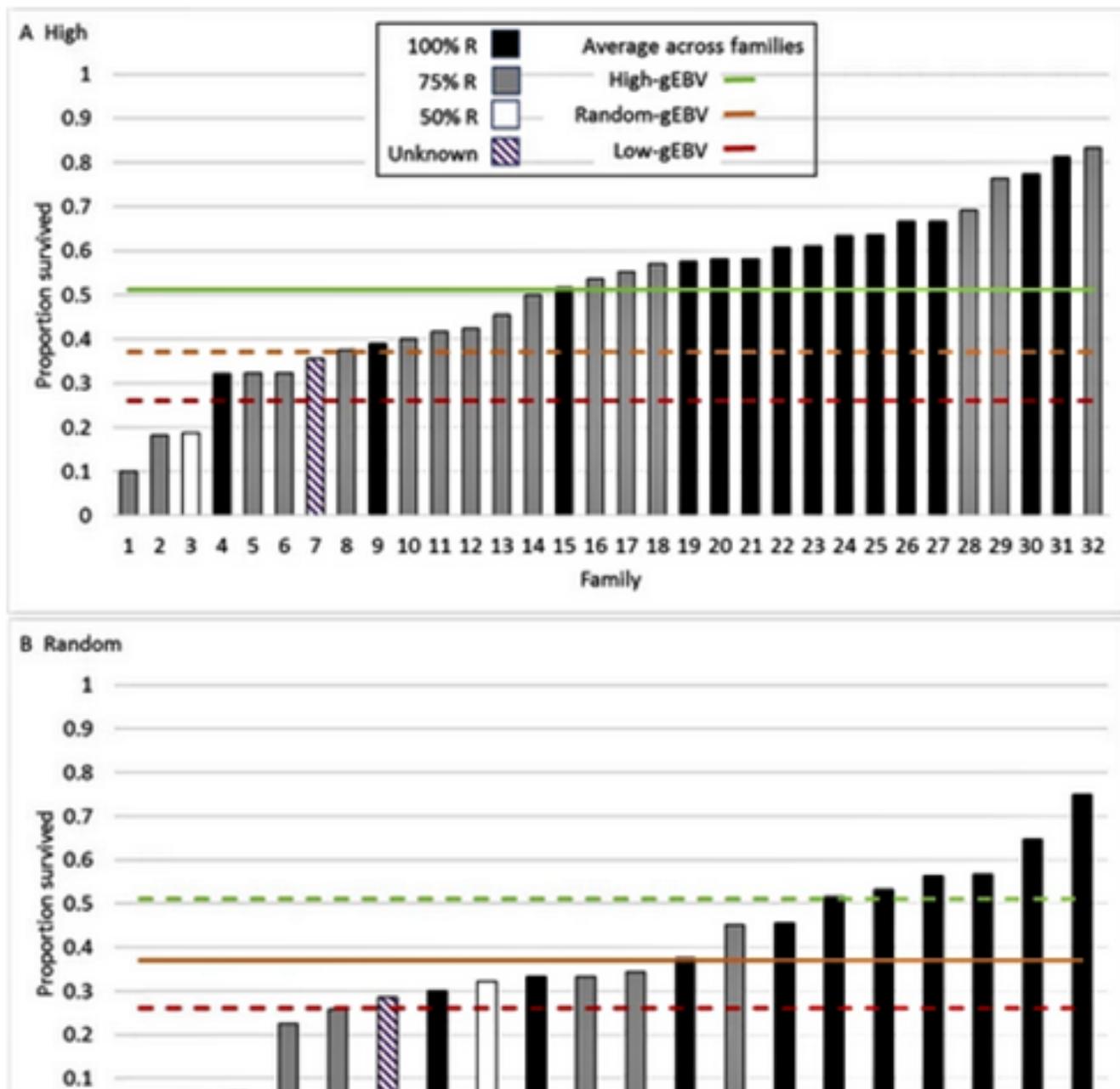


Fig. 1: Origen de los camarones para el experimento. Los animales se dividieron en poblaciones de entrenamiento y de candidatas de reproducción para la estimación de los valores genómicos estimados de reproducción, gEBV [técnica que utiliza la secuencia de ADN única de un animal para predecir su verdadero mérito genético con mayor precisión] a la resistencia del Virus del Síndrome de la Mancha Blanca (WSSV) en la generación G₀ [generación cero]. Los candidatos de cría G₀ fueron seleccionados y apareados para producir grupos de alta, aleatoria y baja generación de gEBV G₁ [generación 1] cuyo desempeño (supervivencia después de una prueba de desafío experimental) se comparó para la evaluación final del poder de la selección genómica. Adaptado del original.

Resultados y discusión

Todos los camarones en la prueba de desafío fueron genotipados para determinar las diferencias en la composición genética de los individuos para 18,643 polimorfismos de un solo nucleótido, SNPs [una sustitución de un solo nucleótido (bloques de construcción básicos de ácidos nucleicos, ADN y ARN) en una posición específica en el genoma; los SNPs se pueden utilizar para identificar diferencias en la susceptibilidad a una amplia gama de enfermedades]. Los camarones candidatos a la cría (G0) se clasificaron según los valores genómicos de cría para la resistencia al WSSV.

Se produjeron dos poblaciones G1, una de criadores G0 con valores genéticos estimados altos y la otra con valores genéticos bajos. Una tercera población se produjo a partir del apareamiento "aleatorio" de la progenie. La supervivencia promedio fue del 25 por ciento en los grupos de bajo valor genómico, del 38 por ciento en los aleatorios y del 51 por ciento en los de alto valor genómico. La ganancia genética obtenida resultante y la alta heredabilidad demuestran claramente un gran potencial para una mejora genética adicional de la resistencia al WSSV en la población de *L. vannamei* evaluada mediante selección genómica.



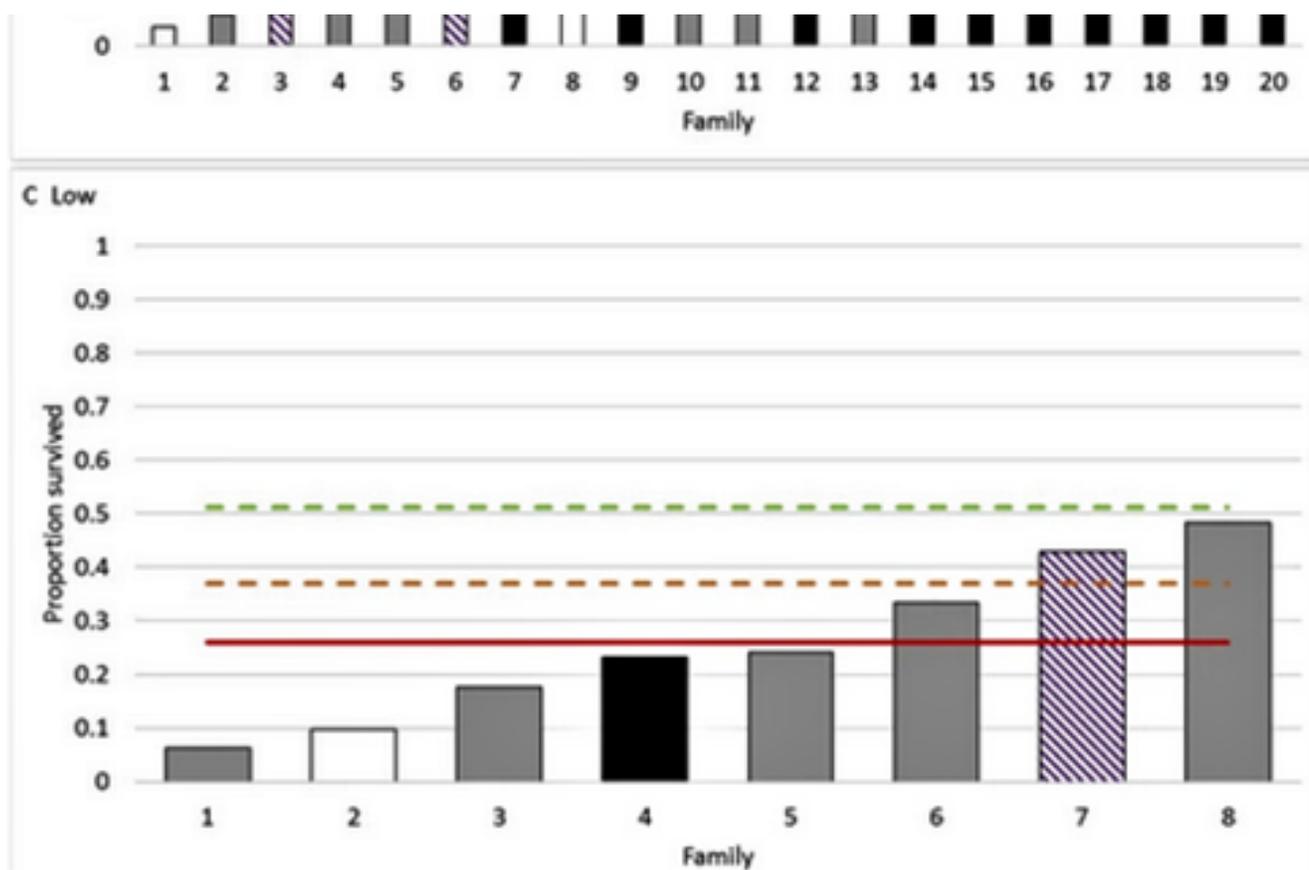


Fig. 2: Proporción de camarones que sobreviven en cada familia desafiada para valores genómicos estimados de reproducción (gEBV) altos (A), aleatorios (B) y bajos (C). El sombreado de los gráficos de barras indica el porcentaje de ascendencia de línea resistente en esa familia (negro 100 por ciento, gris 75 por ciento, blanco 50 por ciento y rayas cuando se desconoce el origen de la población de uno de los progenitores). Las líneas horizontales muestran la proporción promedio entre familias que sobreviven para los grupos de gEBV G1 alto (verde), aleatorio (naranja) y bajo (rojo). Las líneas continuas se relacionan con la población G1 que está representada en cada gráfico. Adaptado del original.

La supervivencia promedio en la población G1 aumentó del 38 al 51 por ciento después de una generación de selección genómica para una alta resistencia al WSSV para el rasgo vivo o muerto (DOA) en relación con la supervivencia promedio en camarones G1 seleccionados al azar. La selección de baja resistencia al WSSV dio una respuesta muy similar en la dirección opuesta. Esto demuestra claramente el poder de la selección genómica como herramienta para desarrollar camarones *L. vannamei* resistentes al WSSV utilizando esta población "sintética" particular que contiene una gran variación para la resistencia al WSSV. Debido a la gran variación en el rasgo DOA y la heredabilidad relativamente alta, se esperaba que una mayor selección para producir una G2 produzca mayores ganancias genéticas que las que evaluamos con la producción del G1.

En general, nuestras estimaciones de heredabilidad de la resistencia al WSSV basadas en la genómica fueron mayores que las estimaciones obtenidas de evaluaciones convencionales anteriores. La mayor heredabilidad encontrada en los camarones G1 vs. G0 podría deberse a una diferencia en la heredabilidad verdadera, debido a las diferentes condiciones de prueba y/o la diferente composición genética entre las poblaciones. Pero también podría deberse a inexactitudes en la estimación, ya que una estimación está más cerca de la verdadera heredabilidad que la otra.

Identificamos varios factores que hacen atractiva la selección genómica para la resistencia al WSSV en *L. vannamei*. Primero, la metodología basada en la genómica identificó la variación genética en la resistencia en la población inicial G0. En segundo lugar, la detección de diferencias significativas entre los grupos de selección muestra que la selección aumentó la resistencia al WSSV en esta primera generación de selección. En tercer lugar, se detectó una amplia variación dentro de los grupos. En cuarto lugar, la respuesta de selección fue mayor de lo esperado por la intensidad de selección aplicada, la heredabilidad estimada y otras variables. Finalmente, la supervivencia mejorada en un 13 por ciento en una generación es mayor que la obtenida con las metodologías de selección convencionales, y la ganancia genética es comercialmente interesante.

Los niveles de supervivencia de nuestros resultados de poco más del 60 por ciento en las mejores poblaciones pueden no parecer tan satisfactorios para la producción comercial. Sin embargo, cuando la vacunación se utiliza como medio para proteger a las poblaciones contra las epidemias, la población puede protegerse eficazmente sin vacunar a todos los individuos debido al efecto de manada. De manera similar, las epidemias de enfermedades pueden ralentizarse o detenerse cuando se vacuna a un cierto nivel de la población, un cierto nivel de animales resistentes en una población, junto con prácticas de manejo que son desfavorables para el patógeno y la enfermedad, pueden ser suficientes para controlar WSSV en poblaciones comerciales.

Hemos demostrado que al utilizar la selección genómica podemos aumentar rápidamente el nivel de resistencia y, con suerte, podremos utilizar esta herramienta para ofrecer a los productores poblaciones de camarones que puedan sobrevivir y producir en presencia de WSSV sin tener que erradicar al organismo causal.

Al aplicar la selección genómica para la resistencia a enfermedades, también debemos considerar que existe una correlación genética desfavorable entre la tasa de crecimiento y la resistencia al WSSV y que es deseable una tasa de crecimiento más rápida para la acuicultura de camarón. Se podría lograr una mejora simultánea de ambos rasgos combinando una línea S de rápido crecimiento con una línea R de alta resistencia en un diseño de multiplicador para el suministro comercial de reproductores. También puede ser posible utilizar la selección genómica de tal manera que ambos rasgos se seleccionen positivamente, pero esto necesita más investigación.

Otra consideración para la aplicación es la asequibilidad y la accesibilidad. La necesidad de genotipado agregará costos al programa de mejoramiento, pero también puede reducir la necesidad de un registro sistemático del pedigrí, que es costoso y también induce ineficiencias en el proceso de selección debido a la cría separada, ya que puede derivarse de los genotipos. Ya se han identificado muchos marcadores genéticos para *L. vannamei* y las tecnologías para el genotipado de marcadores densos de rendimiento ultrarrápido están cada vez más disponibles y son menos costosas de aplicar.

La otra gran dificultad que se enfrenta al seleccionar la resistencia al WSSV en el camarón es que es prácticamente imposible utilizar supervivientes de las pruebas de desafío como candidatos de reproducción, ya que pueden transmitir verticalmente el virus e infectar a la población de crías. Además, las dificultades prácticas de limpiar a los supervivientes para incorporarlos a los programas de reproducción que producen reproductores libres de patógenos específicos para el Virus del Síndrome de Mancha Blanca son considerables. La imposibilidad práctica de utilizar supervivientes y la falta de información sobre el rendimiento de supervivencia de los candidatos reproductores y sus verdaderas relaciones genéticas con los candidatos (las relaciones de pedigrí han sido el estándar para estudios anteriores) limita la precisión de la selección fenotípica convencional.

Sostenemos que la capacidad de evaluar el valor de reproducción individual a través de la selección genómica es la razón principal por la que se obtuvo una mayor tasa de ganancia genética con la selección genómica que la que se logró con la selección fenotípica convencional de resistencia al WSSV en *L. vannamei*. Según los resultados de nuestro estudio, la ganancia genética obtenida y la alta heredabilidad demuestran claramente un gran potencial para una mayor mejora genética de la resistencia al WSSV en la población de *L. vannamei* evaluada mediante selección genómica.

Perspectivas

Nuestros resultados muestran que se puede lograr una mejora genética útil significativa para la resistencia al WSSV en un programa de reproducción para *L. vannamei* aplicando selección genómica. En comparación con los métodos convencionales, el uso de datos genómicos dio como resultado estimaciones de heredabilidad más altas y mejoró la precisión de la selección a niveles que son comercialmente relevantes.

Este es el primer estudio con *L. vannamei* que demuestra una ganancia genética realizada a partir de la selección genómica. La selección genómica es particularmente prometedora para los programas de selección que desafían a los animales vivos con agentes infecciosos cuando los supervivientes no pueden utilizarse posteriormente como reproductores.

Author



NICHOLAS ANDREW ROBINSON, PH.D.

Corresponding author
Breeding and Genetics, Nofima, 1430, Ås, Norway; and
Sustainable Aquaculture Laboratory-Temperate and Tropical (SALTT)
School of BioSciences
The University of Melbourne
Parkville, 3010, Australia

Nota del editor: este artículo tiene nueve co-autores, pero solo se incluye el autor correspondiente.

robinson.n1@unimelb.edu.au (<mailto:robinson.n1@unimelb.edu.au>)

Copyright © 2021 Global Seafood Alliance

All rights reserved.