



ALLIANCE™

(<https://www.globalseafood.org>).

---



Innovation &  
Investment

---

# Un nuevo ensamblaje del genoma a nivel de cromosomas del camarón blanco del Pacífico

5 February 2024

By Dr. Yongzhen Zhao

**Se observó una expansión significativa de familias de genes en el genoma relacionados con la locomoción, la visión y la transmisión neuronal**



Este estudio detalla la generación de un ensamblaje de novo de alta calidad del genoma de *L. vannamei*, abordando las limitaciones de ensamblajes fragmentados anteriores. Proporciona una representación más precisa del genoma de *L. vannamei*, pero también ofrece nuevas vías para la genómica funcional, programas de mejoramiento y estudios evolutivos comparativos en esta especie económicamente significativa. Foto de Darryl Jory.

Un genoma es toda la información genética de un organismo. Un genoma de referencia de alta calidad es crucial para la mejora genética de las especies y la exploración de los mecanismos moleculares subyacentes a importantes procesos biológicos. Sin embargo, los genomas del camarón contienen numerosas secuencias repetitivas, lo que hace que su ensamblaje sea un desafío. Las **tecnologías de secuenciación de tercera generación** (<https://doi.org/10.1111/1755-0998.13463>), desarrolladas recientemente han ayudado a aliviar las dificultades de ensamblaje causadas por la heterocigosidad y las secuencias repetitivas en los genomas.

Recientemente se han ensamblado los genomas de varias especies de camarón de importancia comercial, incluido el camarón tigre negro (*Penaeus monodon*), el camarón blanco chino (*Fenneropenaeus chinensis*), el camarón Kuruma (*Marsupenaeus japonicus*) y otros, utilizando estas nuevas tecnologías de secuenciación de tercera generación. Sin embargo, en comparación con otras especies, la disponibilidad de genomas de camarón aún es limitada.

Previamente se ha generado un borrador del genoma de *L. vannamei*, aunque está muy fragmentado y no está construido a **nivel cromosómico** (<https://doi.org/10.1038/s41467-018-08197-4>). La falta de un genoma de alta calidad impide futuras investigaciones genéticas sobre *L. vannamei*.

Este artículo – resumido de la **publicación original** (<https://doi.org/10.1016/j.aqrep.2023.101859>) (Peng, M. et al. 2023. A high-quality genome assembly of the Pacific white shrimp (*Litopenaeus vannamei*) provides insights into its evolution and adaptation. *Aquaculture Reports* Volume 33,

December 2023, 101859) – informa sobre un estudio para generar un ensamblaje genómico de alta calidad de *L. vannamei* y proporcionar nueva información genómica crítica para la cría de camarones y las investigaciones de esta especie de camarón.



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

Un ensamblaje *de novo* se refiere al ensamblaje del genoma de un nuevo genoma desde cero sin la ayuda de datos genómicos de referencia. Para la secuenciación y el ensamblaje del genoma, se obtuvieron muestras de *L. vannamei* del Centro de mejoramiento genético de camarones de la Academia de Ciencias Pesqueras de Guangxi (Nanning, China). El ADN genómico se extrajo del tejido muscular y de las bibliotecas genómicas utilizando un kit comercial (kit SMRTbell, PacBio, EE. UU.) de acuerdo con el protocolo del fabricante y se secuenció en la plataforma PacBio Sequel. Luego, este ADN fue procesado y analizado en detalle.

Para obtener información detallada sobre la secuenciación y ensamblaje del genoma de *L. vannamei*; anotación genética; anotación de secuencias repetidas; secuenciación transcriptómica de diversos tejidos; y análisis evolutivo, consultar la publicación original.



## Estimación de la varianza genética de la uniformidad del peso corporal en una población cultivada de camarón blanco del Pacífico

Al evaluar la correlación genética de la uniformidad del peso en el núcleo, las poblaciones comerciales muestran que la respuesta a la selección se puede transmitir al menos parcialmente.



Global Seafood Alliance

0

## Resultados y discusión

*L. vannamei* ha recibido una amplia atención de la investigación debido a su enorme valor económico. Anteriormente se publicó un borrador del genoma de esta especie, aunque este ensamblaje genómico anterior permanece relativamente fragmentado e incompleto, lo que limita su aplicabilidad como referencia para el mejoramiento y la investigación.

Para obtener un genoma resuelto de *L. vannamei*, utilizamos tecnologías novedosas en este estudio para generar un ensamblaje *de novo* del genoma de alta calidad, con una longitud total de 1869 megabases (Mbp; megabases o millones de pares de bases, es una de las formas utilizadas para medir el tamaño de un genoma) y otras características mejoradas. Estas métricas mejoran considerablemente el ensamblaje del genoma incompleto publicado anteriormente.

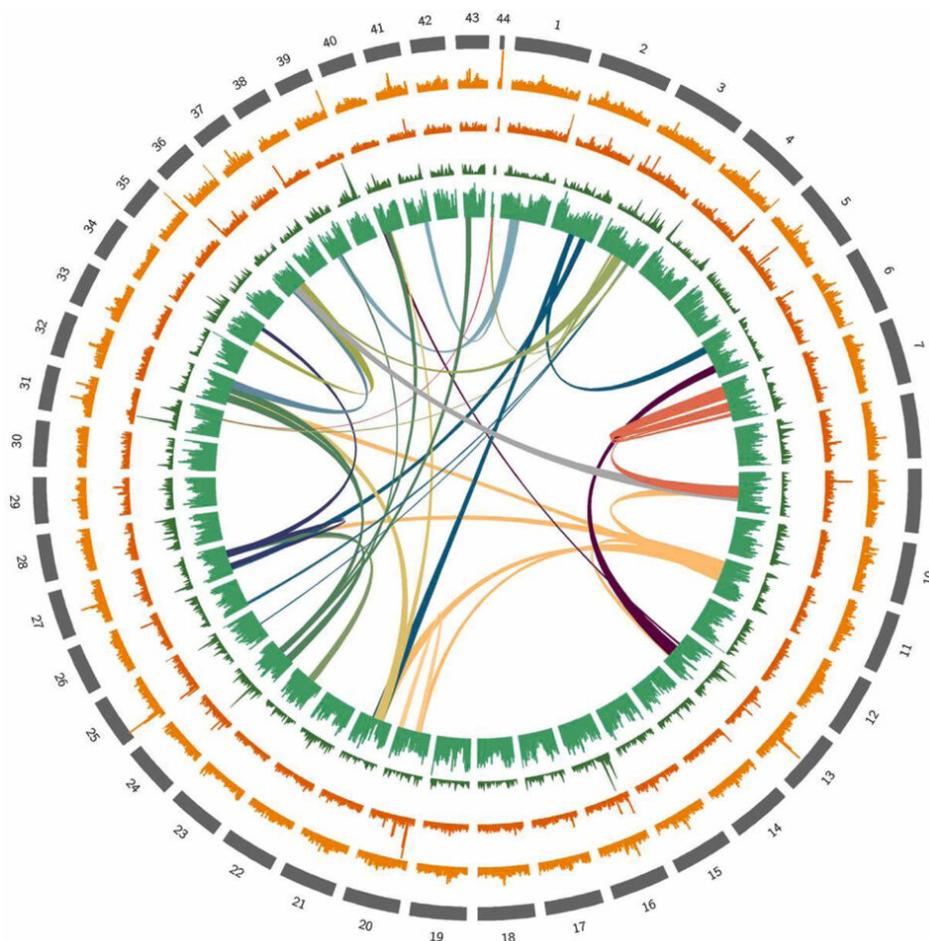


Fig. 1: Gráfico Circos (herramienta de visualización que facilita la identificación y análisis de similitudes y diferencias que surgen de comparaciones de genomas) que muestra las características del genoma de *L. vannamei*. La pista 1 (desde el anillo más externo hacia adentro) muestra los cromosomas individuales del genoma. Adaptado del original.

Este ensamblaje genómico mejorado proporciona una representación más completa y precisa del genoma de *L. vannamei*, lo que permite conocer mejor su composición genética y sus mecanismos reguladores. También abre nuevas oportunidades para la investigación y las aplicaciones. Los investigadores ahora pueden explorar el contenido genético, la evolución y los aspectos funcionales de *L. vannamei* con mayor detalle, incluidas investigaciones sobre rasgos clave como el crecimiento, la reproducción, la resistencia a enfermedades y la adaptación ambiental.

Además, este ensamblaje genómico de alta calidad sirve como una referencia invaluable para futuros estudios sobre la genómica de *L. vannamei*, permitiendo la identificación y anotación de genes y elementos reguladores previamente desconocidos y facilitando estudios de genómica comparativa para comprender las relaciones evolutivas y la base genética de la diversificación fenotípica dentro de la familia de los camarones.

Si bien investigaciones anteriores han sugerido que el recuento de cromosomas haploides (un solo conjunto) de *L. vannamei* es 44, puede ser necesaria más investigación para determinar con precisión el número exacto de cromosomas en esta especie.

En cuanto a la anotación de secuencias repetitivas (patrones cortos o largos de ácidos nucleicos – ADN o ARN – que se producen en múltiples copias a lo largo del genoma), nuestros resultados mostraron una proporción menor en comparación con un estudio anterior. Esta variación podría deberse a la utilización de técnicas mejoradas de ensamblaje del genoma en nuestra investigación o a la posibilidad de que falten repeticiones en nuestro ensamblaje.

Las secuencias repetitivas desempeñan un papel crucial en la estructura y función del genoma, ya que se sabe que regulan la expresión genética en *F. chinensis* y *L. vannamei*, impulsando la evolución adaptativa, como la capacidad osmorreguladora variable de estos camarones bajo estrés de baja salinidad. Los estudios futuros deberían centrarse en abordar las limitaciones de nuestro ensamblaje para mejorar nuestra comprensión del contenido repetitivo dentro del genoma de *L. vannamei*.

La expansión o contracción de familias de genes son mecanismos clave en la evolución adaptativa de los organismos. Observamos una expansión significativa de algunas familias de genes en el genoma de *L. vannamei*. Las familias de genes ampliadas incluyeron algunas que participan principalmente en funciones de movimiento, además de otras familias de genes involucradas en funciones de transmisión visual y neuronal. La expansión significativa de estas familias de genes podría conducir a una mayor capacidad visual, de velocidad neuronal y de movimiento de *L. vannamei*, lo que tal vez permitiría su adaptación para escapar de la depredación en hábitats bentónicos oscuros. El abundante repertorio de genes en el genoma de *L. vannamei* relacionados con la transmisión visual, neuronal y el movimiento puede explicar sus adaptaciones bentónicas.

También construimos un árbol filogenético que involucra a *L. vannamei* y otras 11 especies de artrópodos. Nuestros hallazgos sugieren que *L. vannamei* está estrechamente relacionado con otros crustáceos como el cangrejo jaspeado (*Procambarus virginialis*) y el langostino gigante de agua dulce (*Macrobrachium rosenbergii*) y respaldan estudios previos. Sin embargo, cabe destacar que la pulga de agua (*Daphnia pulex*), otro crustáceo, no se agrupaba con *L. vannamei*, y esto puede deberse a su pequeño tamaño de genoma de sólo 200 Mbp, lo que da lugar a diferencias genéticas significativas en comparación con *L. vannamei*, con un tamaño de genoma mucho mayor. Este resultado contradice los resultados de investigaciones anteriores y se requiere más investigación en estudios futuros.

Fig. 2: Comparación de familias de genes en los genomas de *L. vannamei* y otros 11 artrópodos. (A) Visualización del diagrama de pétalos que muestra grupos de familias de genes entre las 12 especies. El número en el círculo central es el número de familias de

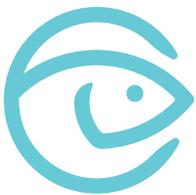
genes comunes a todas las especies y los pétalos muestran el número de familias de genes únicos de cada especie. (B) Las vías de los 20 KEGG más enriquecidos (KEGG es la Enciclopedia de Genes y Genomas de Kyoto es una colección de bases de datos que tratan sobre genomas, vías biológicas, enfermedades, medicamentos y sustancias químicas. KEGG se utiliza para la investigación y la educación en bioinformática, incluido el análisis de datos en genómica, metagenómica, metabolómica y otros estudios ómicos, modelado y simulación en biología de sistemas e investigación traslacional en el desarrollo de fármacos) para genes específicos de especies. Adaptado del original.

## Perspectivas

Este estudio documentó la generación de un ensamblaje *de novo* de alta calidad del genoma de *L. vannamei*, abordando las limitaciones de ensamblajes fragmentados anteriores. Nuestro producto refinado no solo proporciona una representación más precisa del genoma de *L. vannamei*, sino que también ofrece nuevas vías para la genómica funcional, programas de mejoramiento y estudios evolutivos comparativos en esta especie económicamente significativa.

## Author

---



**DR. YONGZHEN ZHAO**

Autor de correspondencia

Guangxi Key Laboratory of Aquatic Genetic Breeding and Healthy Aquaculture, Guangxi Academy of Fishery Sciences, Nanning 530021, China

[yongzhenzhao@hotmail.com](mailto:yongzhenzhao@hotmail.com) (<mailto:yongzhenzhao@hotmail.com>).

Copyright © 2024 Global Seafood Alliance

All rights reserved.