

# ESTUDIO DE ASOCIACIÓN GENÓMICA PARA RESISTENCIA AL VIRUS DEL SÍNDROME DE MANCHA BLANCA EN CAMARÓN BLANCO DEL PACÍFICO

Thania Medrano-Mendoza<sup>1\*</sup>, Baltasar Fernandes Garcia<sup>2,3</sup>, Alejandra Caballero-Zamora<sup>1</sup>, José Manuel Yáñez-López<sup>3</sup>, Pique V. Rivero-Martínez<sup>7</sup>, Marina Durán Aguilar<sup>5</sup>, Leobardo Montoya-Rodríguez<sup>4</sup>, Juan Carlos Quintana-Casares<sup>6,7</sup>, Gabriel Ricardo Campos-Montes<sup>1</sup>

Universidad Autónoma Metropolitana - Xochimilco<sup>1</sup>, Universidad Estatal Paulista - Facultad de Ciencias Agrarias y Veterinarias<sup>2</sup>, Universidad de Chile - Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias<sup>3</sup>, Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo A.C.- Mazatlán<sup>4</sup>, Universidad Autónoma de Querétaro - Facultad de Ciencias Naturales<sup>5</sup>, Maricultura del Pacífico<sup>6</sup>, Genética MarSel<sup>7</sup>

[mendozaatm@hotmail.com](mailto:mendozaatm@hotmail.com)

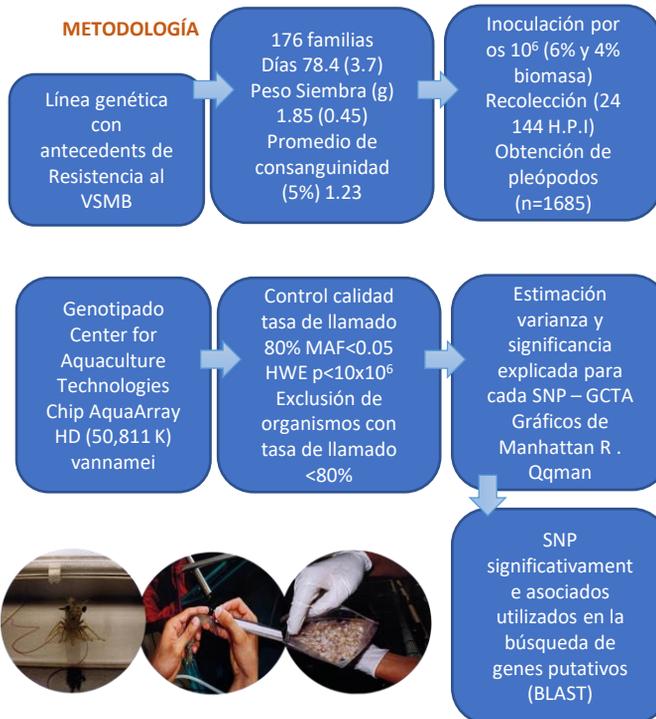
## INTRODUCCIÓN

La producción del camarón blanco del Pacífico (*Litopenaeus vannamei*) se ha visto afectada por el virus del Síndrome de Mancha Blanca (VSMB), cuyas pérdidas se han intentado evitar con la inclusión de la resistencia al VSMB como un criterio de selección dentro de los programas de mejoramiento genético (PMG) de esta especie.

El aumento en la precisión de la selección para la resistencia a enfermedades es posible a partir del uso de herramientas genómicas. La disponibilidad de chips de genotipado de alta densidad para camarón, permite profundizar en el conocimiento de la arquitectura genética de rasgos para la resistencia a enfermedades en *L. vannamei*. La detección de variantes genéticas asociadas a la resistencia frente al VSMB utilizando estudios de asociación de todo el genoma (GWAS), permitirá determinar si la incorporación de la selección asistida por marcadores (MAS) y la implementación de la selección genómica representan una mejor estrategia para incrementar la respuesta a la selección.

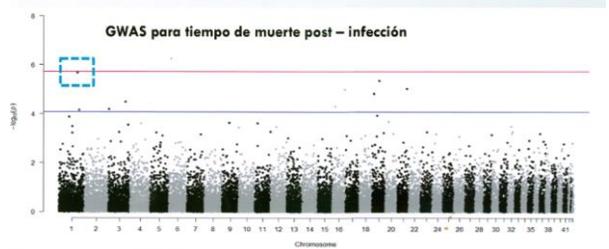
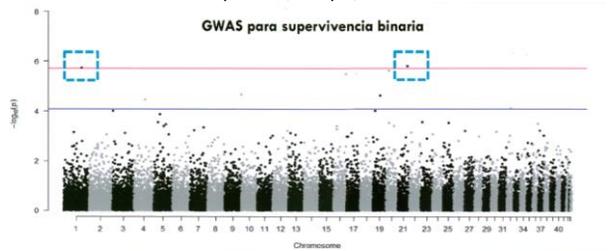
Por lo anterior, el objetivo de nuestro estudio fue identificar variantes genómicas asociadas con la resistencia al VSMB, utilizando un panel SNP de alta densidad (50K) en una población de *L. vannamei* desafiada frente al VSMB.

## METODOLOGÍA



## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se registró un tiempo de muerte (TM) promedio de 109.7 (34.8) horas, una supervivencia binaria (SP) de 0.38 (0.07) y un peso a la colecta promedio de 1.91 (3.85) gramos. La SP acumulada para las mejores y peores familias, alcanzó el 66.3% y 15.8%, mostrando variación fenotípica para la resistencia al VSMB. Un total de 1,683 animales y 33,537 SNPs pasaron el control de calidad. La frecuencia del alelo menor <0.05 (MAF) excluyó el mayor número de SNPs (7,317), mientras que por equilibrio de Hardy-Weinberg (HWE) y la tasa de llamado se excluyeron 6,299 y 3,658 SNPs.



Se localizaron los marcadores; AX-250023883 y AX-249628701, con significancia de 1.84e-06 y 1.59e-0, y una varianza genética de 0.097% y 0.077% para la característica de SP. AX-250023883 también es significativo para el TM (2.09e-06). Entre los genes asociados a este SNP, se encuentran: Arylsulfatasa B,D-B-hidroxibutirato deshidrogenasa de tipo mitocondrial y el mediador putativo de la subunidad de transcripción de la ARN polimerasa II subunidad 26, implicados en la respuesta inmunitaria del hepatopáncreas frente a una infección controlada al VSMB y NAHP en *Marsupenaeus japonicus*. Arylsulfatasa B, se ha reportado como uno de los genes regulados a la baja después del proceso de ablación ocular y ha sido implicada en la degradación de glicosaminoglicanos, que podrían formar parte de la respuesta humoral inmunitaria de los organismos. No obstante, la resistencia al VSMB podría clasificarse como un rasgo poligénico para el que MAS no representaría una ventaja.

## CONCLUSIÓN

El GWAS indica una arquitectura poligénica para la SP y la TM frente al virus del Síndrome de Mancha Blanca, con algunos marcadores que explican una pequeña proporción de la varianza genética. Por lo tanto, suponemos que la incorporación de información genómica a través de la selección genómica podría ser el enfoque más apropiado para mejorar la ganancia genética en la resistencia al VSMB.