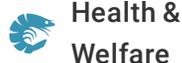




ALLIANCE™

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



Health &
Welfare

Consideraciones para mantener la diversidad familiar en camarones peneidos de desove masivo comercial

15 February 2021

By Andrew Foote, Ph.D.

Implementación de medidas prácticas en criaderos para reducir los sesgos familiares



Los resultados de este estudio demostraron relaciones entre los sesgos familiares en *P. monodon* cultivado, centrando el equilibrio del esfuerzo de muestreo y el costo de genotipado en esta especie altamente fecunda, con acciones prácticas de criadero para reducir los sesgos familiares. Foto de CSIRO, vía Wikimedia Commons.

Los programas de reproducción eficaces buscan mantener la diversidad genética para evitar problemas de endogamia y permitir la selección a largo plazo de características de producción deseables. En contraste con las especies agrícolas terrestres, muchas especies acuícolas son muy fecundas, se reproducen en masa y se crían en comunidad, lo que da como resultado contribuciones familiares [asimétricas] sesgadas que plantean desafíos a los programas de reproducción.

Las distribuciones familiares sesgadas son comunes en las especies acuícolas que son muy fecundas, se reproducen (en masa) en comunidad y / o se crían en comunidad. La magnitud de los sesgos plantea desafíos para mantener la diversidad genética específica de la familia, ya que se requieren mayores recursos para detectar individuos de familias sub-representadas o determinar de manera confiable la supervivencia relativa como una medida del desempeño familiar.

En la mayoría de las especies acuícolas, no es práctico rastrear familias identificadas a partir de desoves independientes mediante métodos de marcado físico, debido a su pequeño tamaño corporal y alta fecundidad. Si bien es posible desovar y criar familias individualmente en el criadero, esto requiere recursos significativos e introduce efectos de cría adicionales inducidos por el medio ambiente entre las familias.

Una alternativa eficaz para rastrear e identificar familias es el uso de marcadores genéticos para la asignación de linaje. Estos enfoques genéticos han demostrado ser confiables para recuperar información genealógica importante de familias criadas en comunidad. Se han utilizado marcadores genéticos para la asignación parental y la distribución familiar en varias especies acuícolas importantes que se han criado en comunidad.

Existe una comprensión limitada de los sesgos familiares o los cambios en la proporción familiar de camarones criados en comunidad en condiciones de cría comercial y, en particular, cómo esto puede afectar las estrategias de genotipado para recuperar datos de rendimiento familiar en programas de reproducción. El camarón tigre negro, *P. monodon*, es un ejemplo de una especie acuícola altamente fecunda, que comúnmente muestra diferencias de orden de magnitud en la producción de progenie viable de cada desove.

Este artículo, adaptado y resumido de la **publicación original** (<https://doi.org/10.3389/fgene.2019.01127>). (Foote A., D. Simma, M. Khatkar, H. Raadsma, J. Guppy, G. Coman, E. Giardina, D. Jerry, K. Zenger and N. Wade. 2019. Considerations for Maintaining Family Diversity in Commercially Mass-Spawned Penaeid Shrimp: A Case Study on *Penaeus monodon*. Front. Genet. 10:1127.) – reporta sobre un estudio que determinó las desviaciones familiares en *P. monodon* de tres lotes (eventos de desove separados) a dos edades: 30 días de cultivo (DOC) antes de la siembra en estanques de engorde comerciales, así como 150 DOC en la edad de cosecha.

Configuración del estudio

Los reproductores silvestres de *P. monodon* se obtuvieron frente a la costa del Territorio del Norte, Australia, y se transfirieron a un criadero comercial en Flying Fish Point, Queensland. Los reproductores se sometieron a una maduración comercial de rutina: se mantuvieron en un sistema de tanques interiores a una densidad de tres por metro cuadrado, con flujo a través de agua de mar mantenido a 28 ± 0.5 grados-C y alimentados con una dieta de maduración comercial.

Se permitió que un total de 678 progenitores potenciales de reproductores se aparearan naturalmente dentro del tanque, y las hembras sin aparear fueron inseminadas artificialmente. Se extirpó unilateralmente el pedúnculo ocular de las hembras y aquellas con ovarios maduros se colocaron en tanques de desove comunales, con hasta otras cinco hembras apareadas en un momento dado. Como se agruparon los reproductores, no hubo igualación de la contribución familiar; tampoco hubo ecualización entre los tanques de desove. Los reproductores no estaban marcados, por lo que no se conocía a los padres contribuyentes en el momento del desove; en cambio, el genotipado determinaría a los padres retrospectivamente.

Los huevos desovados se sometieron a un lavado comercial de rutina antes de transferirlos a un tanque de incubación, y luego los nauplios eclosionados se cosecharon y transfirieron a tanques de cría de larvas (LRT) donde se criarían con una dieta comercial hasta los 30 DOC. A los 30 DOC, los LRT se combinaron y la progenie se sembró en estanques de engorde comerciales, en condiciones comerciales de rutina a una densidad de aproximadamente 45 por metro cuadrado hasta que se cosecharon a los 150 DOC. Los tres lotes separados de familias se mantuvieron discretos, y los tres lotes de padres contribuyentes, tanques de larvas y estanques de engorde fueron rastreados y muestreados para genotipado y asignaciones parentales.

Los tres lotes de *P. monodon* desovados en masa fueron muestreados en las dos etapas de vida (30 y 150 DOC), junto con los reproductores, para determinar el origen de la familia. Se fijaron todos los tejidos para análisis genéticos y se extrajo el ácido nucleico total (TNA). El material genético de cada uno de los reproductores, así como de cada progenie individual tanto en 30 como en 150 DOC, se asoció con una ubicación de placa única y una etiqueta de identificación, lo que permite el seguimiento del tejido individual a lo largo del proceso de extracción, genotipado y asignación parental.

Para obtener información detallada sobre el origen animal, el desove y la cría; muestreo genético; extracción y genotipado de ácidos nucleicos; asignación familiar; contribución familiar relativa; y esfuerzo de muestreo bajo contribuciones familiares sesgadas, consulte la publicación original.

Resultados y discusión

En general, un total de 199 de 678 padres potenciales contribuyeron a la descendencia de la muestra. Se muestreó un total de 2.914 individuos a los 30 DOC y 2.820 a los 150 DOC, con una tasa de asignación general [técnica estadística para determinar la relación entre individuos y poblaciones, para asignar poblaciones de referencia como orígenes de individuos] del 98.6 por ciento a los 30 DOC y 99.3 por ciento a los 150 DOC. La tasa de asignación mínima fue del 97 por ciento (LRTc), mientras que la tasa de asignación promedio para cada lote fue del 99,5 por ciento, 98,1 por ciento y 98,6 por ciento en los lotes 1, 2 y 3, respectivamente.

Las familias que tenían una contribución significativamente diferente de cero fueron designadas como “nivel superior” para cada lote, mientras que el resto de las familias tenía muy pocos individuos para ser detectados de manera confiable o para realizar un análisis estadístico adicional. En general, el número de familias de nivel superior fue 33 de 54 familias en el lote 1, 22 de 35 familias en el lote 2 y 24 de 33 familias en el lote 3.

El tamaño de la muestra de aproximadamente 500 individuos por estanque, 1,000 por lote, en dos puntos de tiempo comercialmente importantes para *P. monodon*, fue adecuado para detectar y re-detectar todas las familias, excepto las más raras. Esto permitió determinar la asimetría de las distribuciones familiares, los cambios en la contribución relativa de las familias y las diferencias en las clasificaciones familiares en la cosecha entre estanques con las mismas familias. Sin embargo, los programas de reproducción enfocados en el mejoramiento genético normalmente se beneficiarían de un mayor tamaño de muestra para mejorar el número de familias detectadas y la precisión de las evaluaciones de desempeño para cada familia. Los beneficios de un mayor tamaño de muestra y estrategias de muestreo, así como las técnicas de incubación prácticas, se discute más adelante.

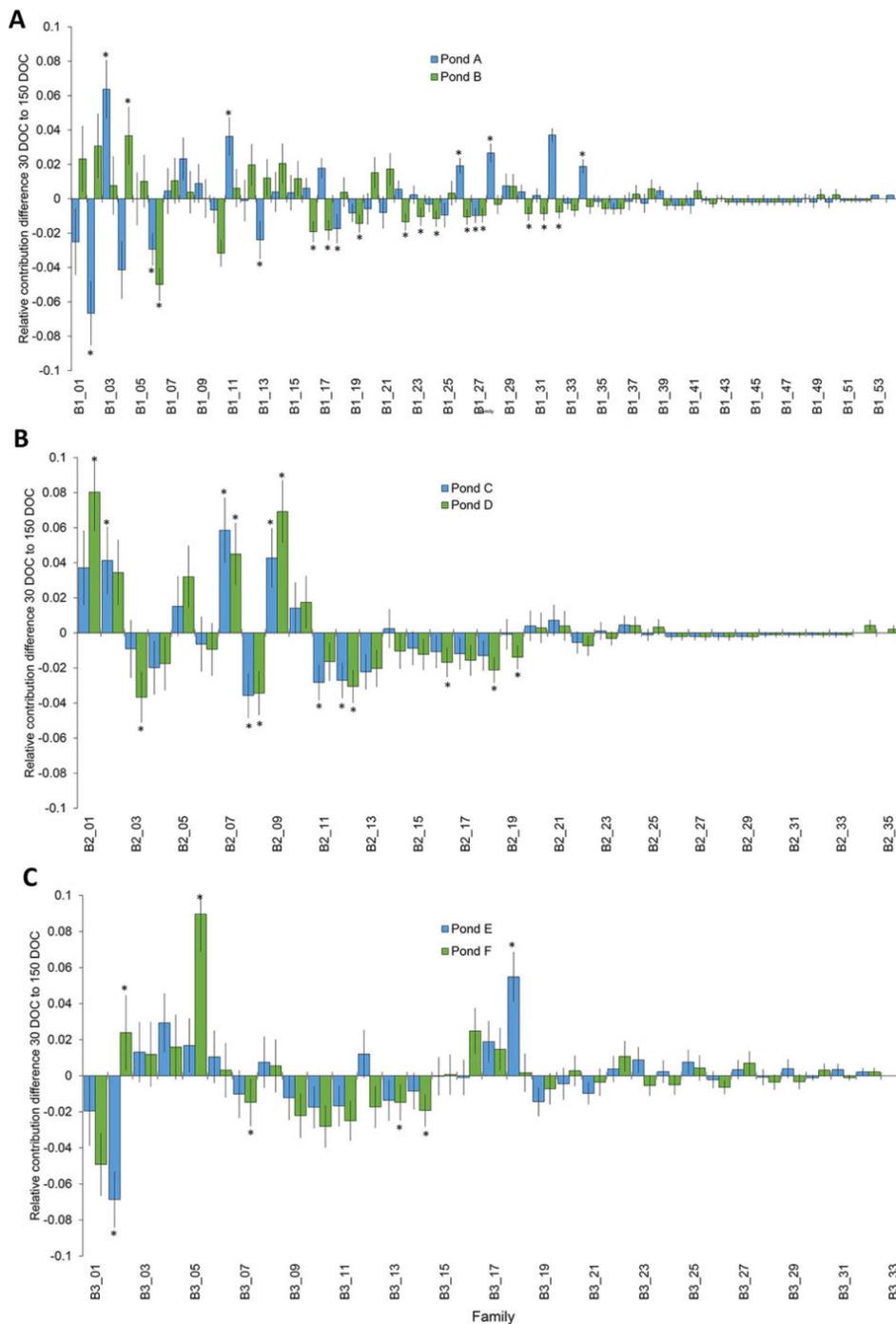


Fig. 1: Cambio en la distribución de familias de 30 DOC a 150 DOC de los estanques A y B del lote 1 (A); estanques B y C del lote 2 (B) y estanques D y E del lote 3 (C). Los asteriscos resaltan cambios significativos en la proporción $P < 0.05$.

El muestreo de aproximadamente 500 individuos por estanque fue suficiente para recapturar todas las familias representadas de nivel superior detectadas en la siembra del estanque (30 DOC), nuevamente en la cosecha (150 DOC), en cuatro de seis estanques de dos de tres lotes. Cuando se combinaron los dos estanques del lote restante, el tamaño de la muestra del lote de aproximadamente 1000 fue suficiente para capturar a todas las familias en el nivel superior en ambos puntos de tiempo. La asimetría general de *P. monodon* de desove masivo en el estudio actual aumentó desde la repoblación

en estanques (30 DOC), donde las contribuciones familiares relativas fueron <1 a 11 por ciento, hasta la cosecha (150 DOC), donde las contribuciones familiares relativas fueron <1 a 18 por ciento. La magnitud de los sesgos familiares en el estudio actual fue similar a la de otras especies acuícolas, incluidos otros camarones peneidos.

Los resultados demostraron que las diferencias en los sesgos familiares, incorporando los efectos específicos de cada especie y los momentos de muestreo en el ciclo de producción, deben considerarse al determinar el esfuerzo de muestreo y genotipado para determinar de manera confiable la diversidad familiar dentro de los programas de reproducción.

Para comprender el impacto relativo de los sesgos familiares y desarrollar estrategias de mitigación, es necesario determinar las causas subyacentes de los sesgos. Las desviaciones en la siembra para cada lote (contribución familiar relativa máxima del 17,7 por ciento) fueron más altas que la diferencia en las desviaciones desde la siembra hasta la cosecha para cada lote (contribución familiar máxima del 9 por ciento), lo que indica que los factores iniciales como la fecundidad variable de los reproductores y la supervivencia larval tuvo más impacto en los sesgos familiares que en la supervivencia diferencial durante el engorde en estanque.

Estudios anteriores han reportado que las prácticas de los criaderos y la supervivencia familiar diferencial en esas etapas de producción del criadero pueden resultar en reducciones dramáticas en el tamaño efectivo de la población (en más del 70 por ciento) dentro de una sola generación. Los criaderos podrían emplear estrategias prácticas para disminuir el sesgo de la familia hacia la repoblación en estanques, como el desove individual y el agrupamiento equitativo de la progenie por familia en varios momentos del criadero. Si bien la agrupación de familias más cerca del punto de repoblación del estanque resultará en distribuciones familiares más equitativas, mantener a las familias separadas para rastrear el origen familiar también tiene el potencial de introducir una variedad de efectos ambientales de cría.

Dependiendo de los requisitos del programa de mejoramiento, el mejor y más práctico compromiso podría ser mitigar la fecundidad variable, desovando individualmente e igualando las contribuciones al agrupar familias una vez que la progenie ha eclosionado.

El cambio en las proporciones familiares relativas desde la siembra en estanques hasta la cosecha se puede utilizar como una medida de la supervivencia familiar relativa, lo que permite la clasificación de familias y un criterio de selección potencial en los programas de reproducción. Si bien se observaron cambios en las proporciones familiares relativas desde la siembra hasta la cosecha para muchas familias, el tamaño de la muestra de aproximadamente 500 por estanque solo resultó en la detección de cambios significativos en la proporción para el 31 por ciento del nivel superior y el 20 por ciento del total de familias.

Si esta supervivencia relativa se va a utilizar como medida de desempeño, el tamaño de la muestra debería aumentar para permitir la detección de cambios significativos en una mayor proporción de familias. Aumentar el tamaño de la muestra a 5.000, por ejemplo, permitiría detectar cambios significativos en el 78 por ciento de las familias. Las estrategias rentables para aumentar la cantidad de individuos genotipados podrían facilitarse en el futuro a través de estrategias como la agrupación o combinación de ADN que ha sido validada en otros animales de producción como pollos, ganado vacuno y ovino. La combinación de ADN permite ahorros de costos significativos con una cantidad de individuos agrupados genotipados por muestra.

Hubo poca coherencia entre la supervivencia relativa de las familias, así como la clasificación de las familias por contribución relativa entre estanques, para cada uno de los tres lotes. Sin embargo, la mayoría de las familias en los niveles superior e inferior de familias abundantes fue consistente en todos los estanques. Esta diferencia en el rendimiento de supervivencia familiar en los estanques destaca el impacto de los efectos ambientales de la cría, además de los efectos genéticos. Un ensayo futuro podría almacenar familias de manera uniforme en estanques replicados para discriminar la magnitud de las interacciones genotipo por medio ambiente (G×E) que influyen en la supervivencia familiar relativa) y sus cambios basados en el mérito genético de las familias.

La consanguinidad también se controlaría más fácilmente en los enfoques de desove masivo donde los reproductores están marcados y se conoce su pedigrí / parentesco, ya que esto permitiría cruces de apareamiento informados y el seguimiento de las contribuciones a la progenie. Sin embargo, debe reconocerse que en los enfoques comunales de desove y cría, es más difícil rastrear a las familias más pequeñas y es más probable que se pierdan.

Perspectivas

En general, las contribuciones familiares relativas sesgadas aumentaron desde la repoblación en estanques (30 DOC) hasta la edad de cosecha (150 DOC). Sin embargo, la asimetría en la repoblación del estanque fue mayor que el aumento en la asimetría durante el crecimiento del estanque. Por lo tanto, es probable que las estrategias prácticas de mitigación implementadas en el criadero reduzcan el sesgo general; sin embargo, es necesario considerar el costo, la practicidad y los efectos ambientales diferenciales de la estrategia implementada. Igualar y poner en común las contribuciones de las familias después de que nacen como nauplios puede ser una estrategia rentable.

El cambio en la proporción relativa de familias desde la población hasta la edad de cosecha proporcionó una medida de supervivencia y una clasificación familiar que se determinaría para cada familia, lo que podría incorporarse como criterio de selección en los programas de reproducción. Las diferencias en la clasificación de la supervivencia y las familias entre los estanques subrayan la importancia de los efectos ambientales en la supervivencia. El tamaño de la muestra de aproximadamente 500 individuos genotipados por estanque fue suficiente, con el sesgo observado, para detectar la mayoría de las familias en la edad de cosecha.

Sin embargo, tamaños de muestra más grandes permitirían detectar un mayor número de individuos por familia y aumentarían la capacidad de detectar familias que mostrarán un cambio significativo en proporción relativa. Los modelos que incorporaron los sesgos familiares demostraron el aumento de magnitud en el muestreo requerido para detectar el 25 por ciento más bajo de familias, así como su cambio en la proporción durante el crecimiento del estanque.

En general, este estudio proporciona información práctica sobre el esfuerzo de muestreo para detectar familias de manera precisa y confiable para futuros programas de reproducción selectiva en especies acuícolas altamente fecundas, incluido el camarón, y recomendaciones sobre acciones clave para mitigar los sesgos.

Referencias disponibles en la publicación original.

Author

**ANDREW FOOTE, PH.D.**

Corresponding author

ARC Research Hub for Advanced Prawn Breeding, James Cook University, Townsville, QLD, Australia;
and

Centre for Sustainable Tropical Fisheries and Aquaculture, College of Science and Engineering,
James Cook University, Townsville, QLD, Australia; and

Aquaculture Program, CSIRO Agriculture and Food, Queensland Bioscience Precinct, St. Lucia, QLD,
Australia

Nota del editor: este artículo tiene 10 co-autores, pero solo se incluye el autor de correspondencia.

Copyright © 2023 Global Seafood Alliance

All rights reserved.