



ALLIANCE™

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



Health &
Welfare

Evaluación de un programa de cría selectiva de langostinos gigantes de agua dulce en China

30 March 2020

By Dr. Jie Kong

Los resultados para peso corporal de la cosecha brindan un valioso apoyo para mejorar la reproducción



Los resultados de un programa de cría de langostinos gigantes de agua dulce en China proporcionan información valiosa para su cría y producción comercial. Foto de Darryl Jory.

El langostino gigante de agua dulce (*Macrobrachium rosenbergii*) es una especie con gran valor económico en el mercado global. China es un productor importante, y su cosecha de 2016 fue de más de 130,000 toneladas métricas (TM), lo que representa más de la mitad de la producción mundial. *M. rosenbergii* no es una especie nativa en China y la mayoría de las poblaciones cultivadas provienen de reproductores silvestres introducidos de otros países del sudeste asiático, o poblaciones seleccionadas con una variación genética estrecha. Habría un riesgo de endogamia si se utilizan estas poblaciones a largo plazo.

La cría selectiva podría mejorar efectivamente los rasgos de producción de los animales de granja y ayudar a los animales a adaptarse a las condiciones locales. En acuicultura, la cría selectiva se ha utilizado con gran éxito para mejorar el crecimiento, la resistencia a enfermedades o los rasgos de calidad en varias especies, como el salmón del Atlántico, la carpa rohu, la tilapia del Nilo y el camarón blanco del Pacífico. Existen programas de cría selectiva para *M. rosenbergii* en varios países, incluidos China, India y Vietnam.

En China, en 2006 se inició un programa de cría selectiva destinado a mejorar el peso corporal de la cosecha (HBW) y la supervivencia en estanques de *M. rosenbergii*. El Comité Nacional de Certificación de Variedades Acuáticas aprobó una línea recientemente seleccionada llamada "Nantaihu No. 2". China en 2009. Esta nueva línea trajo beneficios económicos y sociales notables, pero la implementación de un programa de mejoramiento para *M. rosenbergii* con una tasa de crecimiento más rápida y una alta supervivencia en el estanque es una demanda urgente en China, lo que llevó a otro programa de selección de mejoramiento iniciado en 2015.

En este último programa, los recursos de *M. rosenbergii* fueron ampliamente recolectados de diferentes países; los pedigrí moleculares de los animales fundadores basados en marcadores microsatélites se utilizaron en el programa de reproducción, que se aplicó con éxito para evitar la endogamia; y la

selección de contribución óptima se usó para realizar cruces de diseño para maximizar el progreso genético a largo plazo y controlar la endogamia simultáneamente. Hasta ahora, el programa ha logrado un progreso notable y aún se está desarrollando.

Este artículo, adaptado y resumido de la publicación original (<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0218379>) – evaluó la heredabilidad del peso corporal de cosecha (HBW), la precisión del valor de reproducción y las correlaciones genéticas entre machos y hembras, así como las respuestas de selección después aplicando estas mejoras. Los resultados proporcionan información valiosa para mejorar la reproducción de *M. rosenbergii*, así como de otros animales acuáticos.

Agradecemos al Key Laboratory for Sustainable Utilization of Marine Fisheries Resources, Ministry of Agriculture, Yellow Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences por proporcionar una plataforma de análisis de datos.

Nota del editor: este artículo tiene nueve coautores (consulte las etiquetas del artículo al final), pero solo se enumera la afiliación y la información de contacto del primer autor y autor correspondiente.

Configuración del estudio

La población fundadora incluyó cuatro cepas diferentes: la primera cepa fue la progenie de la población seleccionada "Nantaihu No. 2" en China, que se caracterizó por un rápido crecimiento y una alta supervivencia en estanques. La segunda cepa fue de larvas comerciales de Tailandia y se caracterizó por un rápido crecimiento en las últimas etapas. Las dos últimas cepas fueron la progenie de poblaciones salvajes de Birmania y Bengala. Todas estas cepas se recolectaron en 2015 y desde entonces se criaron en la Jiangsu Shufeng Prawn Breeding Industry Co., Ltd. Se utilizaron un total de 134 langostinos (56 hembras y 78 machos) para construir la población base, G_0 .

Para obtener información detallada sobre el material genético utilizado en el estudio; extracción y amplificación de ADN y reconstrucción de pedigrí; apareamiento y producción de familias; crianza y etiquetado familiar; crecimiento y cosecha de animales; y el análisis de datos que incluye componentes de varianza y estimación de heredabilidad, correlaciones genéticas entre sexos, estimación de ganancia genética realizada y estimación de ganancia genética predicha, favor consultar la publicación original.

Resultados y discusión

En nuestro estudio evaluamos los parámetros genéticos y la respuesta de selección para el peso corporal de cosecha (HBW) de *M. rosenbergii* después de ser criados en comunidad durante 95 a 109 días. Los datos se recopilaron de dos generaciones que comprendían 25.212 progenies de 150 machos y 198 hembras. Se empleó la metodología residual de máxima verosimilitud (una forma estadística de estimación de máxima verosimilitud que no basa las estimaciones en un ajuste de máxima verosimilitud de toda la información, pero como alternativa utiliza una función de verosimilitud calculada a partir de un conjunto transformado de datos) para evaluar el componentes de varianza, ajustando un modelo animal.

La precisión de los valores de reproducción estimados (el valor de un animal en un programa de reproducción para un determinado rasgo) aumentó en un 0,38 por ciento después de la reconstrucción de pedigrí utilizando marcadores de microsatélites. La heredabilidad estimada, h^2 (una estimación del grado de variación en un rasgo fenotípico en una población debido a la variación genética entre los individuos de la población), para HBW fue moderada (0.212 ± 0.049); y el coeficiente ambiental común,

c^2 [el efecto de un ambiente compartido] fue bajo (0.063 ± 0.017), cuando todos los datos se utilizaron para el análisis. Dentro de las generaciones, h^2 fue moderado a alto (0.198 ± 0.080 a 0.338 ± 0.049); c^2 solo pudo estimarse en la primera generación, G_1 , y fue de 0.055 ± 0.030 .

El HBW promedio de los machos fue significativamente mayor que el de las hembras y fue significativamente diferente en cada generación. Los machos eran 53.46 por ciento más pesados que las hembras en G_0 y 19.39 por ciento más pesados en G_1 (un resultado promedio de las poblaciones seleccionadas y de control). Estudios previos también informaron que los *M. rosenbergii* eran mucho más pesados que las hembras. El dimorfismo del tamaño sexual es un fenómeno común en varios crustáceos, incluido *M. rosenbergii*, donde el HBW promedio de los machos es más alto que el de las hembras, lo que podría deberse a que las hembras asignarían mucha energía al desarrollo e incubación de los ovarios. Los coeficientes de variación (CV) de HBW fueron 27.54 a 35.40 por ciento en los machos y 17.32 a 23.40 por ciento en las hembras, que fueron similares a los valores reportados por otros investigadores.

El h^2 estimado para el HBW de las hembras fue más alto que el de los machos dentro de generaciones, mientras que el h^2 estimado para el HBW de las hembras fue más bajo que el de los machos de generación en generación, pero no fueron significativamente diferentes. Las correlaciones genéticas (proporción de varianza que comparten dos rasgos debido a causas genéticas) entre sexos fueron moderadas a altas dentro de cada generación (0.529 a 0.763).

La heredabilidad de HBW de hembras de *M. rosenbergii* (0.278 ± 0.067) fue menor que la de los machos (0.309 ± 0.067) aunque no hubo diferencia significativa. Esto es diferente de estudios previos en *M. rosenbergii*, lo que probablemente se debió a que los langostinos machos se clasificaron en el análisis genético, mientras que los langostinos hembra no. Además, otros factores como los factores de comportamiento, las interacciones sociales y la privación de alimentos también pueden afectar el dimorfismo sexual de la heredabilidad del HBW.

Con respecto a la heredabilidad y los coeficientes ambientales comunes, después de la reconstrucción del pedigrí, los componentes de varianza estimados estuvieron muy cerca de los resultados del pedigrí no construido, y la precisión de la estimación del valor de reproducción se ha mejorado un 3,8 por ciento, probablemente porque no había suficiente relación genética entre los propios animales fundadores. La reconstrucción de pedigrí es relevante, ya que jugaría un papel importante en evitar cruces entre individuos hermanos completos.

La heredabilidad para HBW de *M. rosenbergii* entre generaciones fue de 0.212 ± 0.049 , que fue similar a una estimación de 0.22 ± 0.056 en India. Sin embargo, fue superior a las estimaciones de 0,14 a 0,15 de Vietnam y $0,11 \pm 0,08$ de Tailandia. Una selección previa de *M. rosenbergii* en China solo logró una estimación de heredabilidad de HBW de 0.056, que se consideró causada por bajas variaciones genéticas de los animales de base.

En este estudio, la población base estaba compuesta de cuatro cepas diferentes de cuatro países diferentes (cepas seleccionadas de China, Tailandia, Birmania y Bengala), lo que permitió reunir mayores variaciones genéticas. Los datos actuales respaldan la opinión de que las bajas variaciones genéticas de los animales de base condujeron a una baja estimación de heredabilidad del HBW de *M. rosenbergii*. Además, muchos otros factores – como diferentes poblaciones geográficas, condiciones ambientales y modelos estadísticos – también afectarían las estimaciones de heredabilidad de la especie.

En la población base, G_0 , las variaciones ambientales comunes no pudieron estimarse con éxito, probablemente porque no había suficientes lazos genéticos entre las familias. La falta del coeficiente ambiental común (c^2 , el efecto de un entorno compartido) condujo a una estimación de heredabilidad más alta en G_0 . El c^2 fue pequeño pero significativamente diferente de cero entre generaciones, lo que demostró que el período de construcción familiar entre generaciones tuvo un cierto efecto en el HBW. En particular, el error estándar de heredabilidad y el coeficiente ambiental común fueron pequeños, posiblemente debido a la gran cantidad de individuos de prueba en cada familia. Un problema que debe abordarse es que las condiciones de la acuicultura deberían estandarizarse anualmente para obtener resultados de pruebas y evaluaciones más precisos.

En el presente programa de mejoramiento, la respuesta realizada alcanzó el 14.01 por ciento o el 11.52 por ciento después de realizar una selección de generación, casi dos veces la de los programas de mejoramiento previos. La respuesta prevista también fue superior al 10 por ciento después de realizar una selección. Es probable que el progreso genético obvio se beneficie de la gran variación genética, que es el factor más importante para determinar el progreso genético de los objetivos de reproducción.

Además, el método de selección de contribución óptima también podría desempeñar un papel importante. Seleccionar y aparear padres es bastante importante para un programa de cría. El método de selección de contribución óptima proporciona una herramienta poderosa para establecer el equilibrio entre las ganancias genéticas de la próxima generación y limitar la tasa de endogamia al restringir el aumento de la ascendencia promedio.

Perspectivas

Los resultados de nuestro programa actual de mejoramiento muestran que una mayor densidad en G_1 daría lugar a una mayor interacción social, y debido a la supresión del crecimiento a través de la dominación social, las estimaciones de ganancia genética obtenida basadas en la media de mínimos cuadrados fueron un poco más altas que la estimación basada en el valor de mejora y la ganancia genética predicha. En general, nuestros resultados muestran que la selección de contribución genética óptima también se puede utilizar como una estrategia de reproducción efectiva en animales acuáticos.

Referencias disponibles de la publicación original.

Author



DR. JIE KONG

Corresponding author
Key Laboratory for Sustainable Utilization of Marine Fisheries Resources
Ministry of Agriculture
Yellow Sea Fisheries Research Institute
Chinese Academy of Fishery Sciences
Qingdao, China;
Laboratory for Marine Fisheries Science and Food Production Processes
Qingdao National Laboratory for Marine Science and Technology
Qingdao, China

kongjie@ysfri.ac.cn (<mailto:kongjie@ysfri.ac.cn>).

Copyright © 2023 Global Seafood Alliance

All rights reserved.