

Primeros estudios en Ecuador de la influencia de la interacción genotipo - ambiente en el crecimiento y la morfología del camarón (*Penaeus Vannamei*)

Autores:

Ermei VITERI-SANTANA¹
 Hyun Suk SHIN¹
 Megaly MONTACHANA-CHIMBORAZO²
 Melissa ESCOBAR-RIVAS²
 Marina MARTÍNEZ-SOLER¹
 Álvaro LORENZO-FELIPE¹
 Edwin YUGCHA-OÑATE²
 Milton TOMALÁ-AQUINO²
 Katherine MUJICA-RODRÍGUEZ²
 Esther MERO-PANTA²
 Janeth OTAIZA-MEJILLÓN²
 Nelson FRANCO-CHIQUITO²
 Jesús FERNÁNDEZ-MARTÍN²
 María Jesús ZAMORANO-SERRANO²
 Eduardo REYES²
 José Antonio LINCE-RONDON²
 Walter INTRIAGO-DÍAZ²
 Juan Manuel AFONSO¹

¹ Universidad de Las Palmas de Gran Canaria (ULPGC), Instituto Universitario de Acuicultura Sostenible y Ecosistemas Marinos (IUECOAQUA), Carretera de Taliarte, s/n, 35214-Telde, Las Palmas, España

² Biotecnología y Genética Marina S.A. (BIOGEMAR), Mar Bravo, Salinas - Santa Elena, Ecuador.

³ Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentación (INIA), Ctra. de La Coruña, km 7,5, 28040-Madrid, España

⁴ PRODUMAR, Tembo, Km 8 Vía Durán, Durán, Ecuador

juanmanuel.afonso@ulpgc.es

Este trabajo estudia la interacción genotipo-ambiente, mediante la evaluación de las mismas familias de animales de BIOGEMAR engordados en dos ambientes de producción, baja salinidad y densidad media o semi-intensivo (BASI) y alta salinidad, alta densidad o intensivo (ASIN), para caracteres de crecimiento y morfología. Los resultados estiman correlaciones genéticas medias y positivas para el peso (crecimiento) y la anchura del primer segmento abdominal (morfología) entre ambos sistemas de producción, BASI y ASIN, por lo que parece factible utilizar postlarvas de BIOGEMAR en diferentes ambientes de producción con resultados de crecimiento satisfactorios.

Marco industrial

El langostino blanco (*Penaeus vannamei*) es una de las especies marinas de camarones peneidos más producidas a escala mundial con 4,96 millones de toneladas métricas (TM). Durante el año 2018 *P. vannamei* representó el 52,9 % de la producción mundial de crustáceos marinos (FAO, 2020). En términos económicos, la producción de *P. vannamei* representó 25.396 millones de euros para la acuicultura a nivel mundial (APROMAR, 2020).

En Ecuador, la producción del camarón blanco comenzó en el año de 1970, donde las primeras granjas se establecieron en el sur del país y se han desarrollado hasta los actuales momentos más de 220.000 hectáreas (Piedrahita, 2018), convirtiéndose en la primera fuente industrial de ingreso no petrolero para el país (BCE, 2020). En el 2019, Ecuador fue el principal productor de América Latina de *P. vannamei* con una producción de más de 600.000 toneladas, lo que le ha permitido erigirse como el mayor exportador mundial de langostino, seguido de India, Vietnam e Indonesia, a pesar de que el 85% de la producción mundial de *P. vannamei* se concentra en la región de Asia (China, India, Vietnam, Tailandia e Indonesia) y el Pacífico (Ecuador, Brasil y México) (FAO, 2020).

P. vannamei posee una gran tolerancia a factores ambientales para soportar un intervalo de salinidad entre 0,5 - 45 ups (unidades prácticas de salinidad); particularmente crece muy bien a densidades



de siembra por encima de 50 PL/m² en ambientes a bajas salinidades (Roy et al., 2010), entre los 10 y 15 ups donde el medio acuático y la hemolinfa son isoosmóticos (Wyban y Sweeney, 1991). Tal rango de tolerancia la convierte en una especie particular para la producción epicontinental (Gódinez-Siordia et al., 2011).

En Ecuador, la producción de camarón se basa predominantemente en sistemas de producción extensiva (Piedrahita, 2018), pero en los actuales momentos se evidencia cada vez más una tendencia a las producciones semi-intensivas (Sigüenza, 2018). La producción se enfoca bajo un ciclo cerrado estructurado en laboratorios, donde se dispone del núcleo de selección de los reproductores que abastece a las estaciones de maduración o multiplicadora, donde se obtienen los nauplios (Shin et al., 2020).

La mayoría de las instalaciones de granjas camaroneras se encuentran ubicadas en zonas de playas y bahías donde se asientan de manera natural los ecosistemas de manglar, con legislaciones ambientales locales restrictivas que prohíben la creación de nuevas piscinas en estas áreas y así evitar la deforestación de los manglares, como es el caso de Ecuador (Piedrahita, 2018). Por ello, resulta relevante la intensificación de la producción de animales por volumen de agua y unidad de tiempo, ámbito donde los programas de mejoramiento genético (PMG) son herramientas tecnológicas más viables para este propósito.

Los PMG se basan principalmente en la utilización de información obtenida del fenotipo de los individuos (matriz de rendimiento) con relaciones de parentesco entre los animales conocida (matriz genealógica), para establecer evaluaciones genéticas de los potenciales reproductores de élite mediante índices de selección, previa corrección de los efectos fijos (metodología BLUP, *Best Linear Unbiased Prediction*). Estos métodos han permitido aumentar la productividad de esta especie, acelerar su tiempo de reproducción, incrementar la productividad y ahorrar costes en la industria, aún más si los comparamos con los métodos de reproducción selectivos tradicionales (Castillo-Juárez et al., 2015; Bonet, 2017). Para ello, es de vital importancia la

estimación de parámetros genéticos tales como la heredabilidad, la respuesta a la selección, la precisión de la selección, la correlación genética, la interacción genotipo - ambiente (IGA) y el valor mejorante.

En *P. vannamei* se han realizado diversas estimas de heredabilidad para rasgos relacionados con la mejora en la producción; tales como crecimiento, peso corporal, resistencia; todos estos evaluados mediante la interacción genotipo y diversos ambientes como tanques, piscinas, aguas de baja y alta salinidad, diferentes densidades de producción, localidades, sistemas de invernadero vs ambientes abiertos, parámetros físico-químicos e infraestructura de instalaciones (Pérez-Rostro e Ibarra, 2003b; Gitterle et al., 2005; Castillo-Juárez et al., 2007; Ibarra y Famula, 2008; Campos-Montes et al., 2013; Sui et al., 2016; Tan et al., 2016; Lu et al., 2017; Yuan et al., 2018; Nguyen et al., 2020; Cala-Moreno et al., 2021; García-Ballesteros et al., 2021).

En Ecuador, la selección genética se ha basado esencialmente en métodos de valoración fenotípica individual, sin conocimiento de las relaciones de parentesco entre los animales o selección masal (Afonso, 2020). La ventaja de la selección masal es el bajo coste de implementación, pero tiene la desventaja de desconocer las relaciones familiares, la heredabilidad a priori, el mérito genético de los animales y una alta dependencia de la presión de la selección en los caracteres heredables (Martínez, 2020). Recientemente, la metodología BLUP ha sido introducida en programas de mejoramiento genético en Ecuador para caracteres de crecimiento y calidad morfológica (Shin et al., 2020; Pachón-Meza, 2021).

Los laboratorios deben considerar a la hora de producir postlarvas con rendimientos productivos similares en cualquiera de los sistemas de engorde o baja interacción genotipo - ambiente.

La IGA tiene gran importancia en la medida que condiciona la estrategia de desarrollo del PMG, y se puede medir a través de la correlación genética de un mismo carácter en dos ambientes diferentes de interés comercial, donde están representadas las mismas familias del programa (Falconer

y Mackay, 1996). Cuando se analizan las correlaciones, y dan como resultado que son altas se considera que la interacción genotipo-ambiente es baja en la medida de que no afecta a la ganancia genética, pero cuando las diferencias ambientales son más extremas, es probable encontrar una fuerte IGA (Sae et al., 2013).

En *P. vannamei*, estudios previos han estudiado IGA para el peso corporal a la cosecha, entre localidades o densidades de siembra en condiciones comerciales, sin hallar evidencia alguna de que existe interacción (Pérez-Rostro e Ibarra, 2003b; Ibarra y Famula, 2008; Campos-Montes et al., 2009). Caballero-Zamora et al. (2015) observaron efectos de IGA para peso corporal a las 19 semanas de edad entre poblaciones que crecieron en presencia o en ausencia del virus de la mancha blanca (WSSV) en condiciones comerciales. Nguyen et al. (2020) estudiaron la evaluación genética para mejorar el crecimiento en dos líneas de *P. vannamei* seleccionadas tanto en tanques como en piscinas, con una mayor respuesta significativa para el peso corporal y la ganancia genética en piscina que en tanque para las dos líneas genéticas.

Este estudio se estima por primera vez en poblaciones de *P. vannamei* de Ecuador la interacción genotipo-ambiente (IGA), mediante la evaluación de las mismas familias engordadas en dos ambientes o sistemas de producción diferentes, dentro de los modelos de producción ecuatorianos: Baja salinidad y densidad media o semi intensivo (BAS₁₂₂) versus alta salinidad, alta densidad o intensivo (ASIN₁₂₂₋₂₀₂), para caracteres de crecimiento y morfología.

Materiales y métodos

Materiales utilizados

Los animales utilizados pertenecen a la segunda generación (F2) del programa de mejora genética de la empresa BIOGEMAR S.A., perteneciente al Grupo ALMAR. Se emplearon un total de 6.168 animales divididos en dos zonas de producción del Grupo ALMAR; PRODUMAR S.A., una camaronera de la zona Durán perteneciente a la provincia del Guayas, cuyas características en cuanto al sistema de producción son baja

salinidad en rangos de (2 a 10 ups), densidad media o semi-intensivo, denominado BASI, donde se colocan 30 animales/m², donde se obtuvieron 2.150 machos y 2.075 hembras con edades comprendidas entre 130 a 134 días, dando un promedio de edad de 132 días al momento de su captura.

La segunda estación de muestreo (Núcleo de selección genético) BIOGEMAR S.A., San Pablo, ubicada en la provincia de Santa Elena, cuyas características son alta salinidad (≥ 35 ups) y densidad de animales o sistema intensivo, denominado (ASIN₂₂₂), en donde se crían a una densidad de 300 animales/m², de donde se analizaron 157 machos y 197 hembras, con edades comprendidas entre 130 a 134 días, dando un promedio de edad de 132 días al momento de su evaluación. Asimismo, se realizó un muestreo a los animales del núcleo de selección de San Pablo a los que se les denominó (ASIN₂₂₂), los cuales comprendían edades entre 207 a 210 días, llegando a una edad promedio de 209 días, este grupo de animales estaban distribuidos en 834 machos y 743 hembras.

Los animales del sector BASI, fueron sacrificados a la talla de cosecha para estudiar parámetros genéticos de crecimiento y morfología; mientras que los animales del núcleo de selección genético ASIN, se analizaron vivos en función de que a posteriori se elegirán por su EBV (Estimated Breeding Value) para los cruces de la próxima generación.

Los animales de esta segunda generación (F2) son descendientes de una población de individuos (reproductores) de la F1 que ha sido genotipada, fenotipada y seleccionada para reproducirse, originados del apareamiento de la F1 en los laboratorios de maduración. El desarrollo larvario y posterior engorde de la F2 se llevó a cabo industrialmente en las empresas involucradas en el proyecto (BIOGEMAR-PRODUMAR), con control de todos los parámetros ambientales implicados (tanque, piscina, empresa, parámetros físicos, entre otros). Para identificar físicamente a cada individuo de la F2 se les colocó un anillo en el pedúnculo ocular derecho de cada individuo, de un determinado color y con un número asignado (Figura 1).



Figura 1. Cefalotórax de un adulto de *P. vannamei* de la F2 del PMG de BIOGEMAR. La flecha en amarillo señala el anillo de marcaje verde, en el pedúnculo ocular derecho.

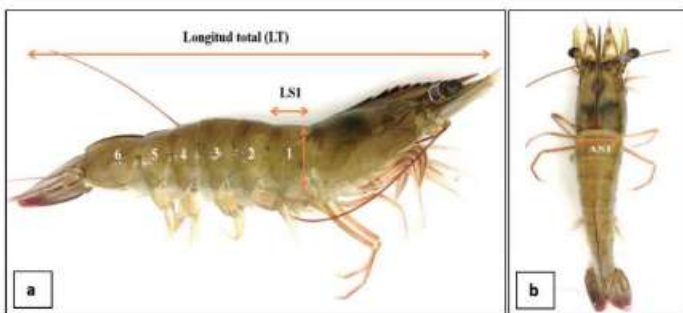


Figura 2. Muestra las medidas del análisis morfológico realizadas a los reproductores de *P. vannamei*.

Caracteres de crecimiento y morfología

En las instalaciones, tanto de BASI, como de ASIN, se midieron los animales en centímetros (cm), con el uso de un pie de rey (Figura 2a), la longitud total de cada animal (desde el extremo anterior del caparazón del cefalotórax hasta la punta del telson, LT), la longitud, anchura del primer segmento abdominal (plano de vista superior) (Figura 2b); asimismo se pesó cada animal con ayuda de una balanza, cuyas medidas quedaron expresadas en gramos (gr).

Luego de obtener los datos de las medidas y pesos; se determinó también el factor de condición (CFL) de los langostinos, utilizando las medidas de longitud total (LT) y peso (P), en base a la siguiente ecuación: $CFL = P / (LT)^3 * 100\%$.

De cada animal empleado se cortó el pleópodo del quinto segmento abdominal, desinfectado y colocado en un tubo eppendorf que contenía una solución de RNAlater para preservación de la buena calidad del tejido muscular.

Para la identificación genética de cada individuo se emplearon marcadores de secuenciación de polimorfismos de único nucleótido (SNP). El ADN se extrajo utilizando el robot BioSprint96® de la marca QIAGEN™, utilizando el BioSprint 96® DNA Blood Kit (384) de QIAGEN™, siguiendo los debidos procesos del fabricante.

El pipeteado de los distintos componentes en las placas correspondientes para la extracción se llevó a cabo con ASSIST

PLUS de INTEGRA™ que permite hacerlo de manera automatizada. Una vez extraído el ADN, se procedió a cuantificar y evaluar la pureza de las muestras obtenidas, mediante Nanodrop 8000™ de Thermo Fisher Scientific™. En cuanto a la normalización se calibró a una concentración de 30 ng/μl de ADN por muestra con el robot Freedom EVOware® y Freedom EVOware® Standard v2.5 software de la marca Tecan™ (Tecan Schweiz AG, Switzerland). Las muestras, con ADN extraído, cuantificado y normalizado, se genotiparon con el con el CAT-SNP-Array (The Center for Aquaculture Technologies, San Diego, USA).

Análisis de datos

Para calcular la media, el error típico, la desviación típica, el coeficiente de variación de la población y los máximos y mínimos de todos los caracteres analizados (crecimiento en peso y longitud, factor de condición corporal y anchura del primer segmento), se utilizó el programa estadístico SPSS (v 25.0) (SPSS, Chicago, IL, EE.UU.).

El análisis de los datos para estimar las heredabilidades y correlaciones genéticas se llevó a cabo mediante el software genético-estadístico VCE (v6.0) (Neumaier y Groeneveld 1998; Groeneveld et al., 2010) y programas asociados desarrollados por la ULPGC (VCE-Executer; VCE-Análisis) usando el siguiente modelo lineal: $y = X\beta + Zu + e$ donde y es el dato medido para los caracteres estudiados, β los efectos fijos (sexo, edad, tanque, estación) y u el efecto genético animal aleatorio.

Las magnitudes de las estimas de las heredabilidades se establecieron como bajas (0,05 - 0,15), medias (0,20 - 0,40), altas (0,45 - 0,60) y muy altas (> 0,65) (Cardellino y Rovira, 1987), y las correlaciones genéticas y fenotípicas como bajas (0 - 0,40), medias (0,45 - 0,55) y altas (0,60 - 1,00) (Navarro et al., 2009).

Resultados

Parámetros fenotípicos

En la Tabla 1, se muestran los valores fenotípicos en animales analizados pertenecientes a la F2, evaluando los siguientes caracteres: el peso expresado en (gramos), se midió para los sistemas de producción de BASI₁₂₂, ASIN₁₂₂ y ASIN₂₂₂; la

longitud en (centímetros), anchura del primer segmento (centímetros) y factor de condición en %, los cuales únicamente fueron medidos para BASI₁₂₂ y ASIN₁₂₂.

Los pesos medios estimados estuvieron entre los 16,68 g y los 38,01 g en ASIN₁₂₂ y ASIN₂₂₂, respectivamente. Las longitudes medias mostraron valores de 12,67 cm y 13,51 cm en ASIN₁₂₂ y BASI₁₂₂, respectivamente. Los valores del factor de condición fueron similares en ambas instalaciones (0,82-0,84), al igual que el ancho del primer segmento (1,27 - 1,35 cm).

Parámetros genéticos

En el presente estudio se obtuvieron como resultados las heredabilidades (Tabla-I), para los parámetros de crecimiento y morfología en los dos sistemas de producción. Las estimas se mostraron bajas para el peso de ASIN₂₂₂ (0,15) y el factor de condición corporal de BASI (0,03). Entre baja y media solo la anchura del primer segmento de BASI (0,16). Se mostraron heredabilidades medias para la longitud total en BASI (0,21), la anchura del primer segmento en ASIN₁₂₂ (0,35) y el peso en BASI (0,29). Como estimas altas estuvieron el peso y la longitud en ASIN₁₂₂ (0,41 y 0,77, respectivamente). Comparando la heredabilidad del peso entre edades de los camarones de ASIN ésta disminuyó con la edad (0,41 y 0,15 a los 132 y 209 días de edad, respectivamente).

Las estimas de las correlaciones genéticas y fenotípicas entre los caracteres de crecimiento y morfología, en cada uno de los ambientes de producción, entre el peso y la longitud y la longitud y la anchura del primer segmento abdominal, fueron altas tanto en BASI₁₂₂ como en ASIN₁₂₂.

Tabla-I. Valores fenotípicos de las medidas de crecimiento y morfología de *P. vannamei* del PMG-BIOGEMAR (Media ± error típico; valor mínimo y máximo, desviación típica (DT) y coeficiente de variación (CV%).

	MEDIA ± ET	MÍNIMO	MÁXIMO	DT	CV%
PESO_BASI ₁₂₂	20,81±0,045	6,80	32,30	2,94	14,14
PESO_ASIN ₁₂₂	16,68±0,140	8,90	25,70	2,63	15,76
PESO_ASIN ₂₂₂	38,01±0,121	25,50	57,90	4,79	12,61
LT_BASI ₁₂₂	13,51±0,011	8,00	18,50	0,74	5,51
LT_ASIN ₁₂₂	12,67±0,040	10,50	17,70	0,75	5,95
CFL_BASI ₁₂₂	0,84±0,002	0,00	2,35	0,11	12,60
CFL_ASIN ₁₂₂	0,82±0,004	0,29	1,20	0,07	8,74
A1SEG_BASI ₁₂₂	1,35±0,002	0,87	1,77	0,10	7,56
A1SEG_ASIN ₁₂₂	1,27±0,005	1,00	1,60	0,09	7,41

mientras que la correlación genética entre la longitud y el factor de condición muestra valores negativos para los dos ambientes de producción analizados.

En la Tabla-III se muestra la interacción genotipo-ambiente (IGA) entre los ambientes de BASI₁₂₂ y ASIN₁₂₂, mediante las correlaciones genéticas para el peso con un valor de 0,52 correspondiente a un rango medio, cuyo valor es muy similar a la correlación con el primer segmento abdominal, con un valor de 0,59. En cuanto a las correlaciones fenotípicas, que en el caso del peso y la anchura del primer segmento (0,18 y 0,13 respectivamente) para ambos ambientes son bajas (0,03).

En la Tabla-IV se muestran las correlaciones genotípicas para el peso entre los dos ambientes de producción BASI₁₂₂ y ASIN (con las dos edades de 132 días y 209 días de edad de los animales analizados), las cuales fueron medias (0,39 entre ambientes de producción y 0,47 entre edades dentro del mismo sistema de producción ASIN). Las correlaciones fenotípicas mostraron valores bajos.

Discusión

El estudio de la interacción genotipo-ambiente tiene gran importancia en mejora genética, ya que permite estimar el comportamiento productivo de los animales en el espectro industrial de producción de cualquier especie. En el caso particular del langostino blanco o camarón en el Ecuador, hay varios factores que condicionan la producción como son la temperatura, la densidad de cría o engorde, o los sistemas de alimentación. Así, si los niveles de producción son muy diferentes entre sistemas de producción, sería importante

considerar la producción de líneas genéticas específicas por sistema (existencia de interacción genotipo-ambiente), mientras que, si el comportamiento de la producción es similar entre sistemas con una línea genética, con sólo una línea genética se puede satisfacer la demanda del mercado (inexistencia o escasa interacción genotipo-ambiente) (Falconer y Mackay, 1996).

El presente trabajo es el primer estudio de interacción genotipo-ambiente de *P. vannamei* que se realiza en Ecuador, considerando dos escenarios diferentes de su sistema de producción industrial, donde además son escasas las estimas de parámetros genéticos, como heredabilidades y correlaciones genéticas.

Parámetros fenotípicos

Comparando los resultados de los parámetros fenotípicos de los animales analizados en el presente trabajo, el peso y la longitud promedio (12 y 17 g; 11,4 y 14,4 cm) obtenido de los animales del sistema de producción de ASIN a los 132 días de edad, están dentro de los rangos mostrado en trabajos anteriores para esta misma especie (Castillo-Juárez et al., 2007; Campos-Montes et al., 2009, 2013; Andriantahina et al., 2012a, 2012b, 2013; Martínez, 2020; Nguyen et al., 2020; Cala-moreno et al., 2021;). Cabría destacar que a diferencia de los trabajos mencionados anteriormente, en el actual estudio las densidades fueron menores (entre 14 y 100 animales/m²) y el rango de edad fue más amplio (entre 130 y 184 días. Los animales criados en BASI a 132 días, en piscinas y a bajas salinidades mostraron pesos promedios al momento de su captura y sacrificio de 20,81 g, valores similares a los descritos por Caballero-Zamora et al. (2015) con 21,5 g (en piscinas; densidad de 10 a 30 animales/m²; 133 días de edad, salinidades 30 a 35 ups).

En este estudio se ha considerado el efecto de la edad (132 vs 209) así como del sistema de producción (BASI vs ASIN). El peso promedio de 38,01 g en ASIN (209 días -300 PL/m²) fue algo más alto que los mostrados por Ibarra y Famula (2008), quienes iniciaron con densidades muy altas de 400 PL/m² y mantuvieron por un periodo de 10 meses sus engordes llegando a tener densidades de 50 animales/m², con pesos promedios

Tabla-II. Estimación de las heredabilidades y correlaciones genéticas (media ± error típico) para los caracteres de peso corporal, longitud total, factor de condición corporal y anchura del primer segmento, de los animales evaluados en los dos sistemas de producción BASI₁₃₂ y ASIN₁₃₂. En la diagonal se presentan los datos de las heredabilidades, encima de la diagonal las correlaciones genéticas entre caracteres y debajo de la diagonal las correlaciones fenotípicas entre los mismos.

	Peso_BASI ₁₃₂	Peso_ASIN ₁₃₂	LT_BASI ₁₃₂	LT_ASIN ₁₃₂	CFL_BASI ₁₃₂	CFL_ASIN ₁₃₂	A1Seg_BASI ₁₃₂	A1Seg_ASIN ₁₃₂
Peso_BASI ₁₃₂	0,39 ± 0,05	0,52 ± 0,27	0,39 ± 0,18	0,37 ± 0,09	0,08 ± 0,38	0,25 ± 0,25	0,05 ± 0,19	0,52 ± 0,27
BASI ₁₃₂								
Peso_ASIN ₁₃₂	0,18	0,45 ± 0,21	0,47 ± 0,22	0,50 ± 0,21	0,81 ± 0,11	0,28 ± 0,17	-0,27 ± 0,20	0,59 ± 0,28
ASIN ₁₃₂								
Peso_LT	0,08	0,11	0,55 ± 0,08	0,56 ± 0,13	0,18 ± 0,21	-0,12 ± 0,25	0,28 ± 0,21	0,81 ± 0,20
ASIN_LT								
LT_BASI ₁₃₂	0,09	0,17	0,1	0,21 ± 0,05	0,09 ± 0,28	-0,02 ± 0,21	0,94 ± 0,08	1,00 ± 0,01
LT_ASIN ₁₃₂	0,02	0,02	0,06	0,02	0,77 ± 0,25	0,17 ± 0,22	-0,81 ± 0,18	0,17 ± 0,20
CFL_BASI ₁₃₂	0,28	0,02	-0,02	-0,49	0,02	0,09 ± 0,09	-0,21 ± 0,22	-0,17 ± 0,20
CFL_ASIN ₁₃₂	0,29	0,22	0,1	0,21	-0,46	-0,02	0,80 ± 0,24	0,20 ± 0,15
CFL_LT								
A1Seg_BASI ₁₃₂	0,05	0,15	0,09	0,09	0,06	0,28	0,18 ± 0,04	0,52 ± 0,27
A1Seg_ASIN ₁₃₂	0,2	0,78	0,11	0,12	0,02	0,12	0,12	0,56 ± 0,21

Abreviatura: BASI₁₃₂ (baja salinidad, semi-intensivo); ASIN₁₃₂ (Salinidad alta, intensivo, a 132 días de edad); ASIN₂₀₉ (Salinidad alta, intensivo, a 209 días de edad); LT (longitud total); CFL (factor de condición corporal); A1Seg (Anchura del primer segmento abdominal).

Tabla-III. Interacción de genotipo-ambiente (IGA) de los caracteres de crecimiento y morfología entre los dos ambientes de producción BASI vs ASIN a la edad de 132 días.

VARIABLE PESO	CORRELACIONES GENÉTICAS	CORRELACIONES FENOTÍPICAS
PESO ₁₃₂	0,52 ± 0,27	0,18
ANCHURA DEL 1ER SEGMENTO ABDOMINAL (A1SEG) ₁₃₂	0,52 ± 0,33	0,13

Tabla-IV. Interacción de genotipo ambiente (IGA) y edad para el carácter de peso entre los dos ambientes de producción BASI₁₃₂ vs ASIN_{132/209}

VARIABLE PESO	CORRELACIONES GENÉTICAS	CORRELACIONES FENOTÍPICAS
ASIN ₁₃₂ VS ASIN ₂₀₉	0,47 ± 0,33	0,11
BASI ₁₃₂ VS ASIN ₂₀₉	0,29 ± 0,19	0,08

de 34,77 g bajo condiciones similares de producción en tanques como los de ASIN. Si bien la supervivencia es un factor importante de cara a explicar los crecimientos por efectos directos sobre la densidad, la calidad genética de los animales de PMG-BIOGEMAR parece haber contribuido a la diferencia de peso entre ambos experimentos, en relación al periodo de engorde utilizado.

En el presente estudio, los valores similares mostrados de anchura del primer segmento mostraron efecto del sistema de producción para BASI y ASIN a los 132 días de edad (1,35 y 1,27 cm, respectivamente), siendo parecidos a los resultados obtenidos por Martínez (2020) con una estima de 1,47 cm. Al igual que en este estudio, y para este mismo

carácter, Pérez-Rostro e Ibarra (2003b) mostraron el efecto de las condiciones de producción, estimando valores de 1,3 cm para animales criados en tanques cubiertos con *liners*, recambio de agua del 20% diario y temperaturas de entre 28°C y 30°C, y de 1,5 cm para los criados en *hatcheries* comerciales (tanques cubiertos, recambio de agua del 40% diario y temperaturas de entre 29°C y 32°C).

Parámetros genéticos

Heredabilidad

La estimación de las heredabilidades para los caracteres de crecimiento, a través del peso, en las poblaciones BASI y ASIN, ambos a los 132 días de edad, muestran estimas medias similares a las obtenidos

por otros autores (Pérez-Rostro e Ibarra, 2003b; Gitterle et al., 2005; Castillo-Juárez et al., 2007; Ibarra y Famula, 2008; Tan et al., 2016; Lu et al., 2017; Martínez, 2020; Nguyen et al., 2020; Cala-moreno et al., 2021; García-Ballesteros et al., 2021). Estos valores medios identificados en diferentes investigaciones, sugieren que la selección genética es factible para este carácter, lo que concuerda que la respuesta a la selección sea positiva en las generaciones posteriores (Zhang et al., 2017; Nguyen et al., 2020).

Campos-Montes et al. (2013) estudiaron el crecimiento a diferentes edades y detallan que las PLs a la edad de 28 días muestran una heredabilidad de $0,13 \pm 0,03$. Los mismos animales a la edad adulta de 130 días mostraron una heredabilidad superior de $0,21 \pm 0,04$, es decir un 61% superior. Esto concuerda con Zhang et al. (2017), quienes encontraron que la respuesta a la selección genética para parámetros de crecimiento en *P. vannamei* fue pobre cuando se aplica en estadios tempranos, pero aumenta a partir de las 14 semanas de vida (Martínez, 2020).

En el presente estudio, sólo la población ASIN pudo ser estudiada a dos edades, 132 y 209 días. Mientras que a edad de 132 días el peso mostró una heredabilidad media-alta, a los 209 dicha estima fue baja. Entre ambas edades, esta población sufrió una infección de *Vibrio parahaemolyticus* haciendo que la población de animales sufriese una disminución poblacional, lo que a priori minimiza las estimas de la heredabilidad.

Ibarra y Famula (2008) estimaron la heredabilidad para el peso en $0,61 \pm 0,08$, en sistemas de producción con densidades de 400 animales/m². En este estudio, la estima en la población de ASIN₁₃₂ fue media, en un sistema de producción con una densidad de engorde de 300 animales/m². Si bien la simple diferencia en la constitución genética de ambas poblaciones puede explicar la diferencia en las estimas, parte de esta puede estar en el grado de variación de cada población, en la medida de que Ibarra y Famula (2008) utilizaron una muestra proveniente de 102 familias de hermanos completos, cuando en ASIN₁₃₂ fue solo de 71 familias de hermanos completos.

El camarón se comercializa

fundamentalmente entero o como "cola" (cuerpo sin cefalotórax), dependiendo de la calidad del animal en el momento del procesado y el mercado de exportación (Piedrahita, 2018). Por lo que la volumetría del animal o factor de condición toma cierta importancia. A la fecha no se han reportado heredabilidades para el factor de condición en *P. vannamei*, por lo cual el presente estudio se convierte en pionero en reportar las heredabilidades, mostrando estimas altas para los animales criados en el sistema intensivo de ASIN y baja para los animales de BASI, ambos a la edad de 132 días. Los datos de BASI están en concordancia con los estimados por Shin et al. (2020).

La diferencia de estimas entre ASIN y BASI, cuando pertenecen a la misma población base, pone de manifiesto el potencial de mejora de la heredabilidad a través de la minimización de la varianza ambiental, en la medida que las condiciones de ASIN son mucho más controladas en términos físico-químicos (temperatura, pH y alcalinidad) y de manejo (coeficiente de reparto, renovación, limpieza).

Resaltar que las heredabilidades del presente estudio, tanto para los parámetros de peso, longitud total, factor de condición y anchura del primer segmento abdominal, mostraron valores más altos en los tanques, del núcleo de selección genético ASIN que los camarones criados en piscinas BASI. Esto probablemente se debió a que en los tanques además de que el número representativo de familias era más propicio que en la piscina, el control de parámetros no genéticos, calidad del agua, parámetros físico y químicos, salinidad, dosificación y distribución del pienso, control de la temperatura, manejo y control por parte de los operarios es más óptimo y mejor, lo que permitió expresar su más alto potencial genético.

Correlación genética entre caracteres

En este estudio, entre peso y longitud total se estimaron correlaciones genéticas y fenotípicas altas, tanto en BASI como ASIN a la edad de 132 días, lo que significa que estos caracteres están altamente controlados por los mismos genes.

Estos resultados se ven respaldados por los obtenidos en las investigaciones de

otros autores en langostino blanco (Pérez-Rostro e Ibarra, 2003b; Andriantahina et al., 2013; Singh et al., 2017; Zhang et al., 2017; Martínez, 2020) quienes también estiman altas correlaciones para el peso y la longitud en ambientes de producción con condiciones similares a las del presente estudio. Tan et al. (2016) también registraron correlaciones genéticas altas entre parámetros de crecimiento medidos a densidades bajas en los sistemas de producción (peso, longitud total, biometría del cefalotórax y abdomen). Quedando demostrado que los caracteres de crecimiento están controlados por los mismos genes y/o están fuertemente ligados en su coevolución, por lo que solo seleccionando para uno de ellos el otro incrementará simultáneamente en los programas de mejora (Zhang et al., 2017; Nguyen et al., 2020).

La consideración de las relaciones genéticas entre caracteres de crecimiento y morfología constituye un método de trazabilidad de la evolución integral del animal en un programa de selección genética (Martínez, 2020). Las altas correlaciones genéticas del peso y la longitud con la anchura del primer segmento abdominal están en consonancia con los resultados de Pérez-Rostro e Ibarra (2003b), quienes obtuvieron estimas de 0,73 y 0,67, respectivamente, a pesar de evaluar sólo 686 individuos provenientes de 37 familias, mientras que en el presente estudio se utilizaron 6.168 animales y 155 familias de una sola generación. Andriantahina et al. (2012b, 2013) también estimaron correlaciones muy altas para estos caracteres de crecimiento 0,93 y 0,87 para el peso y la longitud, respectivamente, a partir de grandes matrices de datos (16.800 animales y 108 familias) pero provenientes de cuatro generaciones de selección.

Interacción genotipo-ambiente

Los rendimientos productivos en *P. vannamei* pueden ser muy amplios dependiendo del sistema de engorde empleado debido a que existe mucha variación dentro y entre empresas. Esta diferenciación presenta la ventaja de la adaptación del sistema de producción al entorno, pero la desventaja de que los rendimientos productivos pueden ser diferentes según las condiciones de producción, como son las diferencias de salinidad, temperatura, densidad, sistemas

de alimentación, seguridad biológica o hectáreas por piscina.

Esto cobra gran importancia en el balance económico de las empresas, ya que la producción del camarón en el Ecuador se basa en la minimización de costes de producción. De hecho, en el día a día de la producción, el éxito de los laboratorios o *hatcheries* depende de que las larvas que venden tengan unos rendimientos buenos de crecimiento y supervivencia en diferentes escenarios de producción, pues de lo contrario tendrían que generar líneas especializadas por sistema de producción (Dupont-Nivet et al., 2008), algo que incrementa los costes de producción y minimiza el beneficio económico o utilidad.

Entre los ambientes de producción BASI y ASIN a los 132 días de edad se evaluó la IGA a través de la matriz de correlaciones genotípicas para varios de los caracteres de crecimiento y morfología en los cuales se muestra, que el peso y la anchura del primer segmento tienen una correlación media de 0,52 para ambos casos, es decir, que los animales tienden a engordar de manera similar en ambos entornos de producción. Estos resultados obtenidos están en concordancia con los expuestos por otros autores en langostino blanco (Pérez-Rostro e Ibarra, 2003b; Gitterle et al., 2005; Castillo-Juárez et al., 2007; Tan et al., 2016), quienes obtuvieron valores de correlaciones de medias y altas para el peso entre piscinas y tanques, altas y bajas densidades, y diferentes temperaturas, sugiriendo que el genotipo por entorno de prueba o IGA es baja. Además, Pérez-Rostro e Ibarra (2003) agregan que la falta observada de un genotipo significativo por interacción ambiental en el tamaño de la cosecha indica que los cambios de rango entre familias no serían los esperados entre estos dos entornos, y que la selección en un entorno dará como resultado una mejora incluso cuando se produzca langostinos en el otro entorno.

Se sabe que IGA es más probable que se observe cuando las diferencias entre los tipos genéticos o las diferencias entre los entornos son grandes (Pérez-Rostro e Ibarra, 2003b; Sgró y Hoffmann, 2004), pero si los cambios son leves en las condiciones ambientales, en particular la salinidad y la temperatura, han

demonstrado no tener efectos significativos sobre la inducción de un cambio en el rango de desempeño entre los genotipos de *P. vannamei* (Ibarra y Famula, 2008).

Evalúando la IGA para el carácter de peso entre el mismo ambiente a diferentes edades, ASIN a los 132 y 209 días de edad, se determinaron correlaciones genéticas medias, lo que indicó que los animales mantuvieron la expresión de sus genes de crecimiento en el lapso de 132 a 209 días, pero cabe destacar que a medida que pasa el tiempo el ritmo de crecimiento disminuye y los langostinos inician su preparación para los procesos reproductivos (Zhang et al., 2017). Sin embargo, Campos-Montes et al., (2013) muestran una correlación genética alta y positiva ($0,71 \pm 0,12$) entre el peso a 28 y 130 días. A edades superiores, Pérez-Rostro e Ibarra (2003a) describieron una correlación genética alta y positiva (0,56) entre el peso corporal a los 119 y 203 días de edad en *P. vannamei*.

Coman et al. (2010) estimaron correlaciones desde bajas a altas y positivas (0,38-0,95) para el peso corporal entre edades consecutivas (24, 32 y 44 semanas de edad) en *P. monodon*. Sin embargo, la estimación

de la correlación genética entre el peso corporal a las 16 y 44 semanas de edad fue baja y estadísticamente no diferente de cero.

La IGA para la especie *P. vannamei* entre diferentes entornos o sistemas de producción y edades propias del Ecuador no se ha publicado hasta la fecha. El presente estudio es el primer enfoque adaptado a esos parámetros ambientales y de producción donde la interacción del peso entre los ambientes de BASI (a la edad de 132 días) con ASIN (a los 209 días de edad), muestran una baja y positiva correlación genética, donde los animales tienen una mejor respuesta del crecimiento para el peso en BASI a 132 días. Este estudio pone así de manifiesto la necesidad de hacer un mayor esfuerzo por conocer las relaciones genéticas entre sistemas de producción y edades de venta en Ecuador, a efectos de disponer de una genética de calidad y bien adaptada al sistema de producción del país.

Para más información sobre este artículo escriba a: juanmanuel.afonso@ulpgc.es

