

Abanico Veterinario. Janeiro-Dezembro 2021; 11:1-16. <http://dx.doi.org/10.21929/abavet2021.13>
Artigo Original. Recebido: 02/12/2020. Aceito: 20/02/2021. Publicado: 20/03/2021. Chave: e2020-95.

Interação genótipo por ambiente em camarão branco associada à Síndrome da Mancha Branca

Genotype-by-environment interaction in white shrimp associated with White Spot Disease

Cala-Moreno Nelson^{*1ID}, Campos-Montes Gabriel^{2ID}, Caballero-Zamora Alejandra^{3ID}, Berruecos-Villalobos José^{1ID}, Castillo-Juárez Hector^{3ID§}

¹Departamento de Genética y Bioestadística, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Nacional Autónoma de México. México. ²Departamento El Hombre y su Ambiente, Universidad Autónoma Metropolitana, Xochimilco, México. ³Departamento de Producción Agrícola y Animal, Universidad Autónoma Metropolitana, Xochimilco, México. §Falecido, marzo 18, 2019. *Autor para correspondência: Nelson Cala Moreno. Departamento de Genética y Bioestadística, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Nacional Autónoma de México, Avenida Universidad #3000, CP 04510, México. E-mail: necamo1980@gmail, nonino@prodigy.net.mx, gabocamo@gmail.com, alejandra.caballero.zamora@gmail.com

RESUMO

Este estudo teve como objetivo estimar a interação genótipo-ambiente para peso corporal (PC) e sobrevivência à colheita (SC), na presença e ausência da Síndrome da Mancha Branca (SMB) em duas linhagens genéticas de *Penaeus vannamei* (crescimento-CRE- e resistência a SMB-RES-). A herdabilidade para PC na linha CRE foi de $0,05 \pm 0,16$ na presença de SMB e $0,35 \pm 0,15$ na ausência, enquanto para a linha RES foi de $0,26 \pm 0,07$ e $0,49 \pm 0,08$ na presença e ausência de SMB, respectivamente. As correlações genéticas para PC entre os ambientes foram $-0,17 \pm 0,60$ para CRE e $0,89 \pm 0,09$ para RES. A herdabilidade para SC em CRE foi de 0,01 em ambos os ambientes e a correlação genética não foi estimável, enquanto, para RES, as herdabilidades foram de $0,06 \pm 0,04$ e $0,11 \pm 0,06$ na ausência e presença de SMB, respectivamente, além da correlação genética não foi significativo. Embora o modelo linear sugira uma interação genótipo por ambiente, as estimativas propõem a independência da mesma característica entre os ambientes, e as correlações entre as características para a linha de resistência propõem selecionar independentemente as características quando SMB está presente.

Palavras-chave: *Penaeus vannamei*, herdabilidade, correlação genética aditiva, peso corporal, sobrevivência.

ABSTRACT

This study aimed to estimate genotype-by-environment interaction for body weight (BW) and survival in presence and absence of White Spot Disease (WSD) within two genetic lines of *Penaeus vannamei* (Growth -GRO- and resistance to WSD -RES). Heritability for BW in the GRO line was 0.05 ± 0.16 in WSD-presence and 0.35 ± 0.15 in WSD-absence, while in the RES line were 0.26 ± 0.07 and 0.49 ± 0.08 in WSD-presence and WSD-absence, respectively. Genetic correlations for BW between environments were -0.17 ± 0.60 for GRO and 0.89 ± 0.09 for RES. Heritability for survival in the GRO was 0.01 in both environments and the genetic correlation was not estimable, whereas in RES, the heritabilities were 0.06 ± 0.04 and 0.11 ± 0.06 in WSD-absence and WSD-presence environment, respectively, and the genetic correlation was not significant. Although the linear model suggested a genotype-by-environment interaction, the estimates propose independence of the same trait between environments, and the correlations between traits in the resistance line suggest independently selecting these traits when WSD is present.

Keywords: *Penaeus vannamei*, heritability, additive genetic correlation, body weight, survival.

INTRODUÇÃO

A produção mundial de camarão branco do Pacífico (*Penaeus vannamei*) tem sido baseada na produção de linhagens genéticas que foram selecionadas para crescimento e sobrevivência geral (Campos-Montes *et al.*, 2009; Caballero-Zamora *et al.*, 2015; Yuan *et al.*, 2018). Ao mesmo tempo, as unidades de produção têm sido afetadas por diversas doenças com altos índices de morbidade e mortalidade (Trang *et al.*, 2019); entre eles, a Síndrome da Mancha Branca (SMB) (Hernández-Llamas *et al.*, 2016).

O controle de SMB tem sido uma meta difícil e decidiu-se adicionar critérios de seleção relacionados à resistência desta doença ao objetivo de seleção de Programas de Melhoramento Genético (PMG) em peneidos (Ødegård *et al.*, 2011; Huang *et al.*, 2012; Klinger e Naylor, 2012; Caballero-Zamora *et al.*, 2015). Nessa ideia, é importante ter estimadores adequados de herdabilidade (h^2) e correlação genética (r_G) para a formulação de estratégias de seleção. Esses parâmetros genéticos, estimados em condições naturais de brotação, podem fornecer informações importantes a serem consideradas nos PMGs. Alguns autores estimaram a herdabilidade para peso corporal na presença de SMB entre 0,09, usando informações de surto e 0,21 dum desafio controlado (Gitterle *et al.*, 2005b; Caballero-Zamora *et al.*, 2015).

Quanto à herdabilidade para sobrevivência na presença de SMB, foi estimada entre 0,01 e 0,21 em estudos de desafio controlado baseados em diferentes modelos estatísticos e protocolos de infecção (Gitterle *et al.*, 2005b; Gitterle *et al.*, 2006a; Gitterle *et al.*, 2006b), e como 0,06 em condições de surto natural de SMB (Caballero-Zamora *et al.*, 2015). Em vez disso, a estimativa desses parâmetros para a mesma característica em diferentes ambientes pode ser interpretada como uma interação genótipo por ambiente (IGA). O referido IGA pode modificar a estimativa de h^2 e r_G entre os critérios de seleção, causando respostas imprecisas à seleção e alterações na ordenação dos candidatos a cruzamentos (Sae-Lim *et al.*, 2016).

Em *P. vannamei*, estudos anteriores pesquisaram IGA para peso corporal na colheita (PC) entre locais ou densidades de plantio em condições comerciais, sem encontrar evidências (Ibarra e Famula, 2008; Campos-Montes *et al.*, 2009). No entanto, Caballero-Zamora *et al.* (2015) observaram efeitos do IGA para o peso corporal às 19 semanas de idade entre populações que cresceram na presença ou na ausência de SMB em condições comerciais. Em relação ao IGA para sobrevivência geral à colheita (SC), nenhum estudo relatou efeitos do IGA.

Em relação ao r_G para peso e sobrevivência em camarões, alguns estudos estimaram o r_G entre PC e SC na ausência de qualquer doença entre -0,49 e 0,56 (Campos-Montes *et al.*, 2013); enquanto Caballero-Zamora *et al.* (2015) relatam que não foi possível estimar essa correlação na presença de SMB, devido à perda de estrutura de informação

decorrente da alta mortalidade na população. Por outro lado, não há informações sobre como esses r_G s são modificados para peso e sobrevivência em diferentes ambientes na produção de camarão. Portanto, é importante estimar esses parâmetros genéticos (h^2 e r_G) na presença ou ausência de SMB para o projeto ideal de PMGs.

Portanto, o objetivo deste estudo foi estimar os efeitos do IGA para PC e SC em dois ambientes comerciais (presença ou ausência de surto natural de SMB), em duas linhagens genéticas de camarão branco do Pacífico (*Penaeus vannamei*), uma delas selecionada para crescimento e outro com histórico de resistência ao SMB.

MATERIAL E METODOS

Os dados foram obtidos de uma empresa produtora de larvas de camarão localizada no noroeste do México. Os registros incluíram camarões do ciclo produtivo de 2016. Os camarões foram criados em condições comerciais em três lagoas: duas lagoas localizados em duas fazendas estabelecidas no estado de Sonora (Kino e Marea Alta); que apresentava um surto natural de SMB (SMB-presença), onde o diagnóstico foi feito a partir dos sintomas e alterações macroscópicas típicas da SMB ([Stentiford e Lightner, 2011](#)), durante o ciclo de produção e confirmado por análise de PCR. O terceiro lago estava localizado na comunidade de Los Pozos, Sinaloa (Pozos), onde procedimentos de biossegurança estritos foram realizados e nenhum sintoma de SMB foi detectado, nem houve um diagnóstico positivo por PCR (ausência de SMB).

Foi utilizada uma linha selecionada desde 1998 para crescimento e SC (CRE), e outra linha com histórico de resistência ao SMB (RES). As famílias consideradas de cada linha neste estudo tiveram no máximo 25% de genes da outra linha ([Gallaga-Maldonado et al., 2020](#)), e foram analisadas de forma independente. Para a linha CRE, foram analisados 7.679 registros de acasalamentos entre 49 pais e 69 mães (famílias). Para a linha RES, foram utilizados 9.519 registros com a progênie de 63 pais e 91 mães (famílias). A proporção de mulheres para homens foi de 1,4 em ambas as linhas. As informações de pedigree incluíram animais nascidos desde 2002 para CRE e desde 2014 para RES.

Origem e desenvolvimento de linhagens genéticas

As linhas CRE e RES foram formadas em 1998 e 2014, respectivamente. A linha CRE foi produzida com camarão do México, Venezuela, Colômbia, Estados Unidos e Equador. A linha RES é composta por camarões com histórico de resistência a SMB do Equador, Panamá e Estados Unidos e desde 2014. Uma descrição mais específica da criação das linhagens genéticas pode ser encontrada em [Gallaga-Maldonado et al. \(2020\)](#) e [Campos-Montes et al. \(2020\)](#).

Gestão familiar

As famílias foram produzidas por inseminação artificial, usando uma proporção de um macho para cada duas fêmeas para formar famílias de meio-irmãos. As fêmeas inseminadas desovaram em lagoas individuais para a contagem de nauplios por família (irmãos completos); aqueles que desovam com menos de 25.000 nauplios sendo descartados para o próximo estágio. A alimentação nos estágios larvais foi baseada em micro-pellets comerciais com 40% a 50% de proteína e 8% a 10% de gordura, microalgas *Chaetoceros*, *Spirulina* spp., e *Artemia* spp., E a constituição da dieta foi adaptada a cada estágio. As famílias de irmãos completos foram mantidas no mesmo tanque até serem marcadas por volta dos 60 dias de idade (pesando entre 2 e 3 gramas), utilizando elastômeros coloridos (Northwest Marine Technology™), no último segmento abdominal do camarão e cuja combinação de cores funcionou como identificação familiar.

Gestão de lagoas em crescimento

Dez dias após a marcação, uma média de 36 camarões por família foram estocados em cada tanque. Os Estaquês de Sonora (presença de SMB) eram de areia de 0,20 ha, com coluna de água de 1,4 m, temperatura média de 32 °C e salinidade média de 33 gL⁻¹. A taxa diária de troca de água variou de 5 a 20%. O alimento oferecido tinha um percentual de proteína entre 34 e 40% a uma taxa de 3% da biomassa total do tanque. A densidade de estocagem em ambos as lagoas foi de 16 organismos/m². Em Sinaloa (ausência de SMB) foi utilizado um tanque de concreto 4 x 16 m, com coluna d'água de 2 m e densidade de plantio de 70 m². A temperatura da água foi mantida em 30 °C com salinidade de 35 gL⁻¹, aeração constante e taxa de troca diária de água de 4 a 5%. A quantidade de comida diária oferecida (35% - 40% proteína); foi calculado como 6% de sua biomassa.

Coleta de dados para peso corporal aos 103 dias de idade e sobrevivência de 70 a 130 dias

Após 70 dias, todos os organismos foram recuperados das lagoas e identificada a família de origem, sexo e peso corporal. As informações de indivíduos com deformidades sem identificação confiável ou sexo indefinido foram excluídas. Para a estimativa da SC os animais recuperados ao final do período foram considerados vivos (1) e os não recuperados como mortos (0), considerando a diferença entre os organismos vivos de cada família e o que foi semeado.

Análise da informação

Para comparar o comportamento produtivo entre as duas linhas em ambos os cenários (SMB-presença e SMB-ausência), foi considerado o seguinte modelo linear:

$$y_{ijk} = \mu + L_i + S_j + LS_{ij} + e_{ijk}$$

Onde, y_{ijk} é o vetor de observações de PC ou SC, μ é a média da população para a variável de interesse (SC ou PC), L_i é o efeito da i -ésima linha (CRE, RES), S_j é o efeito do j -ésimo ambiente (SMB-presença, SMB-ausência), LS_{ij} é o efeito da interação entre a linha e o estado de saúde da lagoa, e $e_{ijk} \sim N(0, \sigma_e^2)$. Sexo e a lagoa também foram incluídos no PC. Para determinar as diferenças entre as combinações de linha e ambiente, foi utilizado o teste de Tukey ($\alpha = 0,05$).

Os parâmetros genéticos para PC e SC foram estimados para cada linhagem, utilizando modelo animal e máxima verossimilhança restrita, com o software ASReml. Considerando os critérios de aproximação de uma distribuição binomial a uma distribuição normal (Schader e Schmid, 1989; Emura e Yu-Ting, 2018), a normalidade foi assumida na análise de SC; o modelo usado foi:

$$y = X\beta + Zu + Wf + \varepsilon$$

Onde, y é o vetor de observações de (PC ou SC) de ambos os ambientes, β é o vetor de efeitos fixos de cada característica, u é o vetor de efeitos genéticos aditivos aleatórios do animal, $u \sim MVN(0, G)$, onde $G = V \otimes A$, onde V é uma matriz simétrica contendo as (co) variâncias entre os efeitos dos animais de uma mesma família para as características nos dois ambientes, e A é uma matriz de relações aditivas; \otimes é o produto Kronecker, resíduos ambientais, f é o vetor desconhecido do efeito de família comum para todas as características, $f \sim MVN(0, F)$; onde, $F = C \otimes I$, onde, C é uma matriz de co (variâncias) dos efeitos do ambiente familiar comum, apenas para PC, e I é uma matriz identidade de ordem apropriada, e ε é o vetor de efeitos aleatórios, $\varepsilon \sim MVN(0, R)$, onde, $R = E \otimes I$, onde, E é a matriz de co (variâncias) dos efeitos residuais que contém as covariâncias entre as duas características, e I é uma matriz identidade de ordem apropriada, com σ_e^2 como a variância residual.

Finalmente, X , Z e W são matrizes de incidência conhecidas que relacionam as observações aos efeitos fixos (que variaram dependendo da característica analisada), os efeitos genéticos do animal e os efeitos do ambiente familiar comum, respectivamente. As correlações genéticas entre as duas características na combinação linha-lagoa foram estimadas com ASReml, utilizando modelos bivariados e com o mesmo modelo, mas considerando o vetor e as informações do PC e SC. Nenhuma restrição foi usada na estrutura de covariância e os efeitos do ambiente familiar comum foram considerados independentes.

Na estimativa dos parâmetros genéticos para PC, os efeitos fixos incluídos no modelo foram: sexo, idade de colheita linear e quadrática, adicionalmente no caso de presença de SMB; o efeito lagoa foi incluído (Kino e Marea Alta). Em relação ao SC para as lagoas afetadas, o único efeito fixo considerado foi o da lagoa na presença de SMB; enquanto no ambiente de ausência de SMB, nenhum efeito fixo foi considerado.

A variância fenotípica para cada característica foi estimada como a soma dos componentes da variância dos efeitos aleatórios (genética animal e família comum). O h^2 foi estimado como a proporção da variância fenotípica que é devido à variância genética aditiva, e o r_G foi estimado como a covariância dividida pelo produto dos desvios padrão correspondentes. A significância estatística dos parâmetros estimados foi baseada nos intervalos de confiança (95%), construídos com seus erros padrão, assumindo normalidade. A existência de IGA foi determinada quando o r_G entre os ambientes foi menor que 0,80 (Sae-Lim *et al.*, 2016).

Por fim, para analisar se o comportamento das características entre as linhagens genéticas era semelhante, foi feita uma comparação dos r_G s estimados em cada linha (Nguyen *et al.*, 2016), essa comparação foi feita por meio duma transformação Z de Fisher (Rosenthal *et al.*, 1992) implementado no pacote “Cocor” em R (Diedenhofen e Musch, 2014), um teste de significância para a diferença entre 2 correlações, baseado em grupos dependentes com 1 variável em comum. Para uma melhor compreensão, um diagrama das correlações genéticas estimadas por linha é apresentado na Figura 1.

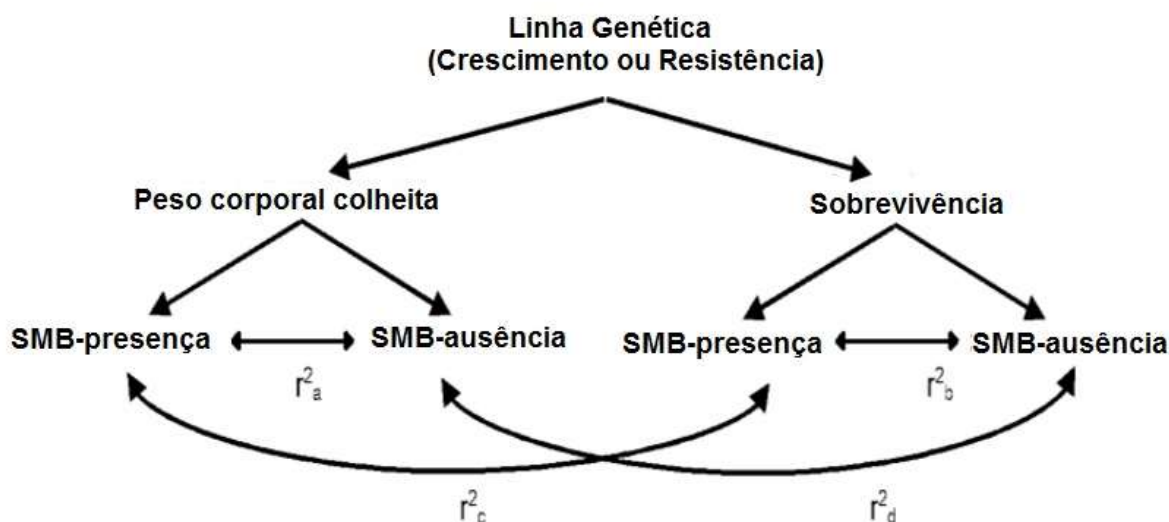


Figura 1. Esquema das correlações genéticas estimadas no estudo por linha genética

r^2_a e r^2_b = Correlação genética entre ambientes (SMB-presença e SMB-ausência) dentro de cada característica. r^2_c = Correlação genética entre ambientes SMB - presença das duas características. r^2_d = Correlação genética entre ambientes SMB - ausência das duas características

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Comparação do comportamento produtivo entre as linhas

As estatísticas descritivas para PC e SC em cada linha genética (CRE e RES), dentro do ambiente (SMB-presença, SMB-ausência) são mostradas na Tabela 1. Ao mesmo tempo, as figuras 2 e 3 mostram o LSM de ambas as linhas (CRE e RES), por meio dos ambientes para PC e SC. Esses resultados mostram diferenças no SC, onde a linha CRE tem um baixo SC na presença de SMB; enquanto os camarões da linha RES apresentam menor SC na SMB- presença. Além disso, há interação linha por ambiente ($P < 0,0001$) nas duas características; Essas interações linha por ambiente destacam a importância de se-considerar a probabilidade de ocorrência da doença SMB, na escolha da linha no programa de melhoramento genético (Sae-Lim *et al.*, 2016).

Tabela 1. Número de indivíduos (n) e médias dos mínimos quadrados para peso corporal e taxa de sobrevivência para colheita na linha de crescimento e na linha de resistência, na presença e ausência da Síndrome da Mancha Branca

Ambiente	Linha	Peso corporal (g)		Taxa de sobrevivência	
		n	LSM \pm ep	n	LSM \pm ep
SMB- presença	RES	2,524	12.80 \pm 0.07 ^a	6,414	0.45 \pm 0.01 ^a
	CRE	294	8.75 \pm 0.06 ^b	5,494	0.06 \pm 0.01 ^b
SMB- ausência	RES	2,838	11.91 \pm 0.17 ^c	3,105	0.82 \pm 0.01 ^c
	CRE	1,926	13.75 \pm 0.05 ^d	2,185	0.88 \pm 0.01 ^d

LSM: Médias dos mínimos quadrados, ep: erro padrão.

* Os diferentes literais nas colunas indicam diferenças estatisticamente significativas TUKEY ($\alpha = 0,05$).

Herdabilidade para peso corporal na colheita

As herdabilidades para PC em ambas linhas são mostradas na Tabela 2. Os efeitos comuns do ambiente familiar foram 0,05 em ambas linhas. A inclusão desses efeitos em todos os modelos reduziu a estimativa da variância aditiva, conforme apresentado por outros autores (Campos-Montes *et al.*, 2013; Montaldo *et al.*, 2013). As herdabilidades na SMB-ausência foram consistentes com aquelas relatadas por autores como Tan *et al.* (2017), Tan *et al.* (2017), Trang *et al.* (2019) e Ren *et al.* (2020), apesar de este último não considerar efeitos comuns do ambiente familiar em seu modelo; no entanto, essas estimativas de herdabilidade foram maiores do que as relatadas por outros autores (Li *et al.*, 2015; Zhang *et al.*, 2017; Yuan *et al.*, 2018). Por outro lado, as herdabilidades para SMB-presença são semelhantes às estimadas por Caballero-Zamora *et al.* (2015), que também usou dados dum surto natural de SMB.

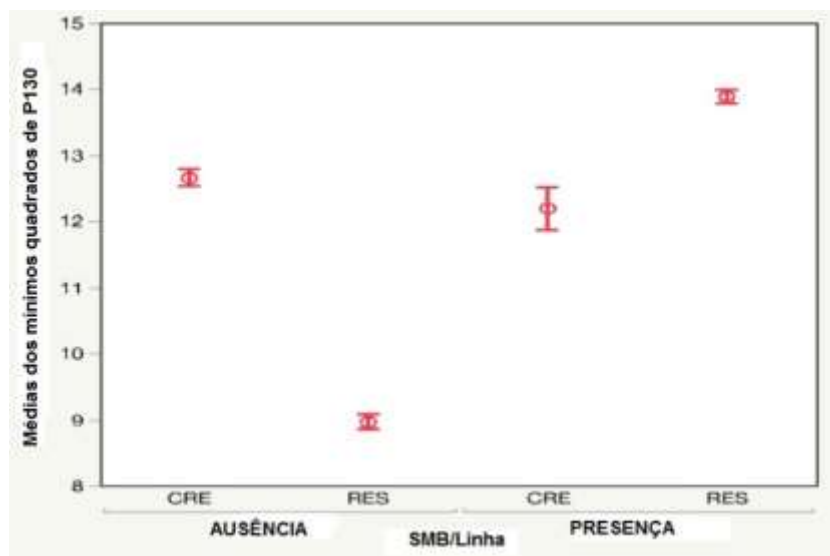


Figura 2. Médias dos mínimos quadrados para o peso corporal na colheita nas linhas de crescimento e resistência a SMB, na presença e ausência de SMB em *P. vannamei*

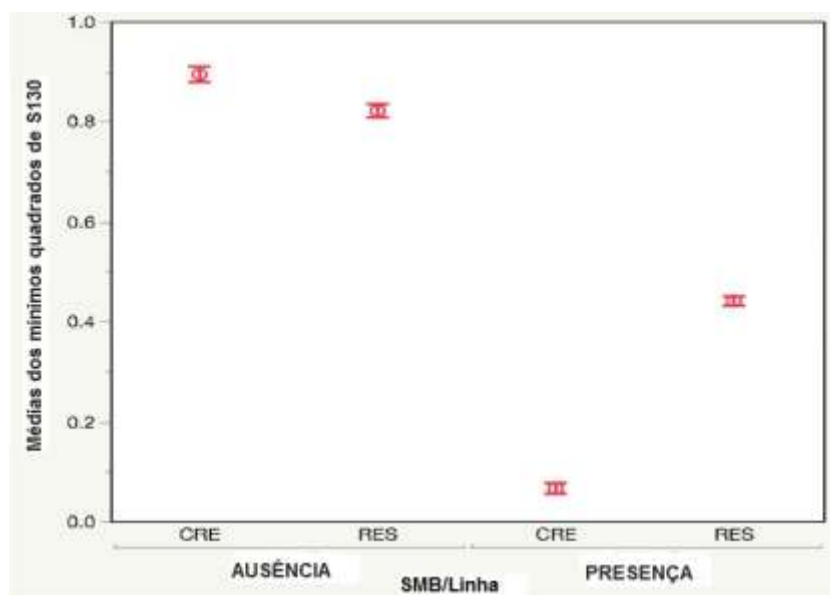


Figura 3. Médias dos mínimos quadrados para a sobrevivência da colheita em linhas de crescimento e resistência a SMB, na presença e ausência de SMB em *P. vannamei*

Na linha CRE, a diferença entre as herdabilidades para SMB-presença ($0,05 \pm 0,16$) e SMB-ausência ($0,35 \pm 0,15$), pode ser um indicador de heterogeneidade de variâncias (Sae-Lim *et al.*, 2016); mas, neste caso, além das mudanças na variância genética aditiva, a fonte dessa heterocedasticidade pode estar contida nas mudanças na variância ambiental devido à sensibilidade microambiental dos indivíduos. No caso da presença de SMB, é importante mencionar que a baixa precisão na estimativa de h^2 pode ser devida à estrutura de dados decorrente da alta mortalidade. Na linha RES, as estimativas de

herdabilidade para PC foram maiores do que para CRE; além de ter melhor precisão. Por outro lado, a estimativa de h^2 na presença de SMB ($0,26 \pm 0,07$) é menor do que na ausência de SMB ($0,49 \pm 0,08$), como na linha CRE, e os estimadores desta linha foram consistentes com outros autores (Luan *et al.*, 2015; Sui *et al.*, 2016; Zhang *et al.*, 2017 e Yuan *et al.*, 2018).

Tabela 2. Herdabilidade e correlações genéticas aditivas para peso corporal em linhas de crescimento e resistência por ambiente *

	Ambiente	SMB-presença	SMB-ausência
Linha de crescimento	SMB- presença	0.05 ± 0.16	-0.17 ± 0.60
	SMB- ausência		0.35 ± 0.15
Linha de Resistência	SMB- presença	0.26 ± 0.07	0.89 ± 0.09
	SMB- ausência		0.49 ± 0.08

*Estimado por análise bivariada. Correlações genéticas são mostradas em negrito

Variações nos estimadores de herdabilidade para PC podem ser o resultado da sensibilidade microambiental dos indivíduos (Sae-Lim *et al.*, 2016). Diante do exposto, é importante notar que essas mudanças na herdabilidade podem alterar a precisão da previsão da resposta à seleção.

Correlações genéticas para PC

O r_G estimado para os PCs entre os ambientes na linha CRE foi negativo e não significativo ($P > 0,05$) ($-0,17 \pm 0,60$); embora nas estimativas com modelos preliminares (dados não mostrados) tenha sido consistentemente negativo. O valor impreciso da estimativa pode ser consequência dos baixos valores da variância genética aditiva do PC na presença de SMS, o que dificulta a avaliação dos efeitos do IGA nesta linha; enquanto na linha RES, essa correlação não foi diferente de 1 ($P > 0,05$) (Tabela 2); observando que os efeitos genéticos aditivos para PC são muito semelhantes nos dois ambientes (Sae-Lim *et al.*, 2016). Em outras palavras, não há efeito IGA no RES para PC. Considerando que ambas as linhas estavam sob as mesmas condições de manejo ambiental e expostas ao mesmo patógeno (SMB), é possível considerar que as diferenças nos estimadores de ambas as linhas são decorrentes do baixo índice de SC da linha CRE. Em diversos estudos, o IGA não foi detectado ao considerar as condições ambientais, como densidade de plantio (Campos-Montes *et al.*, 2009; Tan *et al.*, 2017) ou local de cultivo (Sui *et al.*, 2016). Outros trabalhos relatam possíveis efeitos do IGA para PC, considerando os valores pontuais dos estimadores R_g ; No entanto, seus erros padrão não permitem defini-los como significativamente diferentes de um ou zero (Caballero-Zamora *et al.*, 2015; Li *et al.*, 2015; Nguyen *et al.*, 2020).

Herdabilidade para sobrevivência para colheita em ambas as linhas genéticas

As herdabilidades e correlações genéticas aditivas para SC nas linhagens genéticas são apresentadas na Tabela 3. Em relação aos efeitos familiares comuns, estes foram considerados independentes entre ambientes para cada característica, e variaram entre 0,02 e 0,04. As herdabilidades estimadas para SC na presença de SMB foram 0,01 e 0,11 para CRE e RES, respectivamente; os anteriores são semelhantes aos relatados por outros autores na presença de SMB (Gitterle *et al.*, 2005a; Caballero-Zamora *et al.*, 2015); no entanto, foram inferiores aos estimados por Li *et al.* (2015) e Trang *et al.* (2019); tanto em desafios controlados por SMB. Os resultados do modelo SC foram consistentes com as estimativas, utilizando modelos univariados, considerando uma distribuição binomial (resultados não mostrados).

Tabela 3. Herdabilidade e correlações genéticas aditivas para sobrevivência em linhas de crescimento e resistência por ambiente*

	Ambiente	SMB- presença	SMB- ausência
Linha de Crescimento	SMB- presença	0.01 ± 0.02	0.00
	SMB- ausência		0.01 ± 0.03
Linha de Resistência	SMB- presença	0.11 ± 0.06	0.10 ± 0.40
	SMB- ausência		0.06 ± 0.04

** Estimado usando modelos bivariados
Correlações genéticas são mostradas em negrito

As herdabilidades para SC na ausência de SMB foram $0,01 \pm 0,03$ em CRE e $0,06 \pm 0,04$ em RES concordantes com outros estimadores de sobrevida global (Campos-Montes *et al.*, 2013; Zhang *et al.*, 2017; Ren *et al.*, 2020), mas inferiores aos apresentados por Lu *et al.* (2017), Luan *et al.* (2020) e Tan *et al.* (2017), onde não foi incluído o efeito dum ambiente familiar comum, o que pode ter gerado uma superestimação dos parâmetros genéticos.

As herdabilidades em CRE foram essencialmente zero em ambos os ambientes, $0,01 \pm 0,02$ na presença de SMB e $0,02 \pm 0,03$ na ausência de SMB, o que representa possibilidades mínimas de avanço genético por seleção para esta característica em ambos os cenários, o que é consistente com outros autores (Gitterle *et al.*, 2005a; Campos-Montes *et al.*, 2013; Li *et al.*, 2015; Lu *et al.*, 2017). O mínimo avanço por seleção pode estar relacionado à dificuldade na estimativa devido à taxa de mortalidade pelos modelos estatísticos (Vehviläinen *et al.*, 2008), uma proporção genética muito baixa na expressão da sobrevivência, ou possivelmente, o dano no estrutura das relações familiares genéticas quando SMB estava presente.

As herdabilidades estimadas para SC em RES foram $0,11 \pm 0,06$ e $0,06 \pm 0,04$, para SMB-presença e SMB-ausência, respectivamente (Tabela 3); que não foram estatisticamente diferentes dos estimados para a linha CRE. O h^2 para SC na presença de SMB foi maior do que o estimado por Caballero-Zamora *et al.* (2015) o relatado por Gitterle *et al.*

(2005b), que calculou valores entre 0,03 e 0,07. O h^2 para ausência de SMB foi concordante com outros estimadores para sobrevivência geral na mesma espécie (Campos-Montes *et al.*, 2013; Zhang *et al.*, 2017; Ren *et al.*, 2020).

As herdabilidades do SC para ambos os ambientes foram consistentes em ambas as linhas (Tabela 3), sugerindo que não há compressão da variância aditiva, nas linhas, associada ao ambiente (Sae-Lim *et al.*, 2016). As correlações genéticas entre SC na presença de SMB e ausência de SMB não foram diferentes de zero ($P > 0,05$), coincidindo com o relatado por Vehviläinen *et al.* (2010) em outra espécie aquática, o que pode sugerir que as sobrevivências em ambos os ambientes são características independentes, conforme sugerido por Thoa *et al.* (2015).

Correlações genéticas entre peso corporal e sobrevivência à colheita

As correlações genéticas por ambiente entre PC e SC são apresentadas na Tabela 4. Para a estimativa dessas correlações, o efeito de família comum foi considerado independente entre os ambientes.

Tabela 4. Correlações genéticas dentro das linhas (crescimento e resistência) entre o peso corporal da colheita (PC) e a sobrevivência da colheita para ambientes na presença ou ausência de SMB

	SMB- presença	SMB- ausência
Linha de crescimento	ne*	-0.09 ± 0.92
Linha de resistência	0.04 ± 0.16	0.57 ± 0.20

*Não estimável

A correlação genética entre as duas características não pôde ser estimada na presença de SMB na linha CRE, possivelmente devido à afetação na estrutura da informação associada à alta mortalidade apresentada nessa linha; enquanto que, para a linha RES, não foi diferente de zero ($0,04 \pm 0,16$), concordando com os resultados de Caballero-Zamora *et al.* (2015). No caso de ausência de SMB para a linha CRE, o r_G não foi diferente de zero ($-0,09 \pm 0,92$), ao contrário do estimado na linha RES que foi de $0,57 \pm 0,20$, o que foi consistente com o estimado por Campos-Montes *et al.* (2013), em lagoas comerciais, na ausência de SMB ($0,56 \pm 0,10$). O r_G estimado na linha RES foi maior do que o relatado por Yuan *et al.* (2018), Gitterle *et al.* (2005a), e Zhang *et al.* (2017). As diferenças entre a correlação genética em RES podem ser um indicador de mudanças nos componentes de variância possivelmente associados ao IGA, por sua vez relacionados às covariâncias correspondentes, o que teria implicações na resposta à seleção correlacionada (Sae-Lim *et al.*, 2016)

Alguns autores destacam a importância da criação de linhagens genéticas na aquicultura (Nguyen *et al.*, 2016), os resultados deste estudo sugerem que os índices de seleção para PC devem levar em consideração a linha genética utilizada no programa de

melhoramento genético. Por outro lado, a estimativa de parâmetros genéticos relacionados à PC deve considerar a presença de doenças endêmicas, como SMB na carcinicultura, e visualizar SC na presença e ausência de SMB como características independentes, em ambas as linhagens.

Além de mudanças nas herdabilidades e correlações genéticas em ambas as linhagens, sua produtividade foi diferente nos ambientes estudados, o que pode ser interpretado como um indicador de plasticidade fenotípica, que pode ser comum em organismos marinhos como sugerido por Munday, (2013), e pode ser entendida como a expressão de diferentes fenótipos em indivíduos com o mesmo genótipo, mas sob diferentes condições ambientais (Munasinghe e Seneviratha, 2015). Consequentemente, esse efeito de plasticidade fenotípica deve ser considerado em programas de melhoramento genético de camarão, garantindo que os ambientes de desempenho a serem analisados estejam o mais próximos possível das condições de produção (Nguyen *et al.*, 2016

CONCLUSÕES

Os resultados do modelo linear sugerem diferenças entre as linhas, tanto para peso corporal quanto para sobrevivência entre ambientes; entretanto, as estimativas das correlações genéticas não permitem considerar efeitos de IGA dentro da linha em ambas as características, o que indicaria que são independentes. Além disso, as correlações genéticas entre as características da linha de resistência propõem tratá-las como variáveis independentes, quando o SMB está presente no ambiente.

LITERATURA CITADA

CABALLERO-ZAMORA A, Montaldo HH, Campos-Montes GR, Cienfuegos-Rivas EG, Martínez-Ortega A, Castillo-Juárez H. 2015. Genetic parameters for body weight and survival in the Pacific White Shrimp *Penaeus (Litopenaeus) vannamei* affected by a White Spot Syndrome Virus (WSSV) natural outbreak. *Aquaculture*. 447:102-107. ISSN: 0044-8486. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2014.08.028>

CAMPOS-MONTES GR, Montaldo HH, Martínez-Ortega A, Castillo-Juárez H. 2009. Genotype by environment interaction effects for body weight at 130 days of age in the Pacific white shrimp [*Penaeus (Litopenaeus) vannamei*]. *Veterinaria México*. 40(3):255-267. ISSN: 2448-6760. <https://www.medigraphic.com/cgi-bin/new/resumenI.cgi?IDARTICULO=22647>

CAMPOS-MONTES GR, Montaldo HH, Martínez-Ortega A, Jiménez AM, Castillo-Juárez H. 2013. Genetic parameters for growth and survival traits in Pacific white shrimp *Penaeus (Litopenaeus) vannamei* from a nucleus population undergoing a two-stage selection program. *Aquaculture International*. 21:299-310. ISSN: 1573-143X. <https://doi.org/10.1007/s10499-012-9553-1>

CAMPOS-MONTES GR, Caballero-Zamora A, Montaldo HH, Montoya-Rodríguez L, Rodríguez-Sala BGG, Rodríguez SAS, Martínez-Ortega A, Quintana-Casares JC, Castillo-Juárez H. 2020. Genetic (co) variation in resistance of Pacific white shrimp *Litopenaeus vannamei* to acute hepatopancreatic necrosis disease (AHPND) and white spot syndrome virus (WSSV) in challenge tests. *Aquaculture*. 520:734994. ISSN: 0044-8486. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2020.734994>

DIEDENHOFEN B, MUSCH J. 2015. cocor: A comprehensive solution for the statistical comparison of correlations. *PloS one*. 10(4):e0121945. ISSN: 1932-6203. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0121945>

EMURA T, Liao YT. 2018. Critical review and comparison of continuity correction methods: The normal approximation to the binomial distribution. *Communications in Statistics-Simulation and Computation*. 47(8):2266-2285. ISSN: 0361-0918. <https://doi.org/10.1080/03610918.2017.1341527>

GALLAGA-MALDONADO EP, Montaldo HH, Castillo-Juárez H, Campos-Montes GR, Martínez-Ortega A, Quintana-Casares JC, Montoya-Rodríguez L, Betancourt-Lozano M, Lozano-Olvera R, Vázquez-Peláez C. 2020. Crossbreeding effects for White Spot Disease resistance in challenge tests and field pond performance in Pacific white shrimp *Litopenaeus vannamei* involving susceptible and resistance lines. *Aquaculture*. 516:734-527. ISSN: 0044-8486. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2019.734527>

GITTERLE T, Rye M, Saltec R, Cock J, Johansen H, Lozano C, Suárez J, Gjerde B. 2005a. Genetic (co)variation in harvest body weight and survival in (*Penaeus (Litopenaeus) vannamei*) under standard commercial conditions. *Aquaculture*. 243:83–92. ISSN: 0044-8486. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2004.10.015>

GITTERLE T, Saltec R, Gjerde B, Cock J, Johansen H, Salazar M, Lozano C, Rye M. 2005b. Genetic (co)variation in resistance to White Spot Syndrome Virus (WSSV) and harvest weight in *Penaeus (Litopenaeus) vannamei*. *Aquaculture*. 246:139–149. ISSN: 0044-8486. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2005.02.011>

GITTERLE T, Odegard J, Gjerde B, Rye M, Salte R. 2006a. Genetic parameters and accuracy of selection for resistance to white spot syndrome virus (WSSV) in *Penaeus (Litopenaeus) vannamei* using different statistical models. *Aquaculture*. 251:210–218. ISSN: 0044-8486. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2005.06.008>

GITTERLE T, Gjerde B, Cock J, Salazar M, Rye M, Vidal O, Lozano C, Erazo C, Salte R. 2006b. Optimization of experimental infection protocols for the estimation of genetic parameters of resistance to White Spot Syndrome Virus (WSSV) in *Penaeus (Litopenaeus) vannamei*. *Aquaculture*. 261:501–509. ISSN: 0044-8486. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2006.07.017>

HERNÁNDEZ-LLAMAS A, Cabanillas-Ramos J, Magallon-Barajas FJ. 2016. Estimating impact of white spot disease on economic risk in semi-intensive shrimp farms in Mexico: the case of the State of Sinaloa. *Reviews in Aquaculture*. 8(2):111-120. ISSN: 1753-5123. <https://doi.org/10.1111/raq.12084>

HUANG Y, Yin Z, Weng S, He J, Li S. 2012. Selective breeding and preliminary commercial performance of *Penaeus vannamei* for resistance to White spot syndrome virus (WSSV). *Aquaculture*. 364-365:111-117. ISSN: 0044-8486. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2012.08.002>

IBARRA AM, Famula TR. 2008. Genotype by environment interaction for adult body weights of shrimp *Penaeus vannamei* when grown at low and high densities. *Genetics Selection Evolution*. 40(5):541. ISSN: 0999-193X. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-40-5-541>

KLINGER D, Naylor R. 2012. Searching for solutions in aquaculture: charting a sustainable course. *Annual Review of Environment and Resources*. 37:247-276. ISSN: 1543-5938. <https://doi.org/10.1146/annurev-enviro-021111-161531>

LI W, Luan S, Luo K, Sui J, Xu X, Tan J, Kong J. 2015. Genetic parameters and genotype by environment interaction for cold tolerance, body weight, and survival of the Pacific white shrimp *Penaeus vannamei* at different temperatures. *Aquaculture*. 441:8-15. ISSN: 0044-8486. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2015.02.013>

LU X, Luan S, Cao B, Sui J, Dai P, Meng X, Luo K, Kong J. 2017. Heterosis and heritability estimates for the survival of the Pacific white shrimp (*Litopenaeus vannamei*) under the commercial scale ponds. *Acta Oceanologica Sinica*. 36(2):62-68. ISSN: 0253-505X. <https://doi.org/10.1007/s13131-016-0942-6>

LUAN S, Luo K, Chai Z, Cao B, Meng X, Lu X, Liu N, Xu S, Kong J. 2015. An analysis of indirect genetic effects on adult body weight of the Pacific white shrimp *Litopenaeus vannamei* at low rearing density. *Genetics Selection Evolution*. 47:95. ISSN: 0999-193X. <https://doi.org/10.1186/s12711-015-0164-y>

LUAN S, Qiang G, Cao B, Luo K, Meng X, Chen B, Kong J. 2020. Feed competition reduces heritable variation for body weight in *Litopenaeus vannamei*. *Genetics Selection Evolution*. 52:45. ISSN: 0999-193X. <https://doi.org/10.1186/s12711-020-00565-3>

MONTALDO HH, Castillo-Juárez H, Campos-Montes G, Pérez-Enciso M. 2013. Effect of the data family structure, tank replication and the statistical model, on the estimation of genetic parameters for body weight at 28 days of age in the Pacific white shrimp (*Penaeus (Litopenaeus) vannamei* Boone, 1931). *Aquaculture Research*. 44(11):1715-1723. ISSN: 1355-557X. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2109.2012.03176.x>

MUNASINGHE DHN, Senevirathna JDM. 2015. Phenotypic plasticity and genetic variation of two wild populations of green tiger shrimp (*Penaeus semisulcatus* - De Haan, 1844). *International Journal of Marine Science*. 5:1-8. ISSN: 1927-6648. <http://www.aquapublisher.com/index.php/ijms/article/view/1561>

MUNDAY PL, Warner RR, Monro K, Pandolfi JM, Marshall DJ. 2013. Predicting evolutionary responses to climate change in the sea. *Ecology letters*. 16(12):1488-1500. ISSN: 1461-023X. <https://doi.org/10.1111/ele.12185>

NGUYEN NH. 2016. Genetic improvement for important farmed aquaculture species with a reference to carp, tilapia and prawns in Asia: achievements, lessons and challenges. *Fish and Fisheries*. 17(2):483-506. ISSN: 1467-2979. <https://doi.org/10.1111/faf.12122>

NGUYEN NH, Ninh NH, Hung NH. 2020. Evaluation of two genetic lines of Pacific White leg shrimp *Litopenaeus vannamei* selected in tank and pond environments. *Aquaculture*. 516:734522. ISSN: 0044-8486. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2019.734522>

ØDEGÅRD J, Baranski M, Gjerde B, Gjedrem T. 2011. Methodology for genetic evaluation of disease resistance in aquaculture species: challenges and future prospects. *Aquaculture research*. 42:103-114. ISSN: 1355-557X. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2109.2010.02669.x>

REN S, Prentis P, Mather PB, Li Y, Tang B, Hurwood DA. 2020. Genetic parameters for growth and survival traits in a base population of Pacific white shrimp (*Litopenaeus vannamei*) developed from domesticated strains in China. *Aquaculture*. 523:735-148. ISSN: 0044-8486. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2020.735148>

ROSENTHAL R, Rubin DB, Meng XL. 1992. Comparing correlated correlation coefficients. *Psychological bulletin*. 111(1):172-175. ISSN: 0033-2909. APA Psycnet - <http://nrs.harvard.edu/urn-3:HUL.InstRepos:11718225>

SAE-LIM P, Gjerde B, Nielsen HM, Mulder H, Kause A. 2016. A review of genotype by-environment interaction and micro-environmental sensitivity in aquaculture species. *Reviews in Aquaculture*. 8(4):369-393. ISSN: 1753-5123. <https://doi.org/10.1111/raq.12098>

SCHADER M, Schmid F. 1989. Two rules of thumb for the approximation of the binomial distribution by the normal distribution. *The American Statistician*. 43(1):23-24. ISSN: 0003-1305. <https://doi.org/10.1080/00031305.1989.10475601>

STENTIFORD GD, Lightner DV. (2011). Cases of white spot disease (WSD) in European shrimp farms. *Aquaculture*. 319(1-2):302-306. ISSN: 0044-8486. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2011.06.032>

SUI J, Luan S, Luo K, Meng X, Lu X, Cao B, Li W, Chai Z, Liu N, Xu S, Kong J. 2016. Genetic parameters and response to selection for harvest body weight of Pacific white

shrimp, *Litopenaeus vannamei*. *Aquaculture Research*. 47(9):2795-2803. ISSN: 1355-557X. <https://doi.org/10.1111/are.12729>

TAN J, Luan S, Luo K, Guan J, Li W, Sui J, Guo Z, Xu S, Kong J. 2017. Heritability and genotype by environment interactions for growth and survival in *Litopenaeus vannamei* at low and high densities. *Aquaculture Research*. 48(4):1430–1438. ISSN: 1355-557X. <https://doi.org/10.1111/are.12978>

THOA NP, Knibb W, Ninh NH, Van Dai N, Nhat PH, Nguyen NH. 2015. Genetic variation in survival of tilapia (*Oreochromis niloticus*, Linnaeus, 1758) fry during the early phase of rearing in brackish water environment (5–10 ppt). *Aquaculture*. 442:112-118. ISSN: 0044-8486. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2015.02.040>

TRANG TT, Hung NH, Ninh NH, Knibb W, Nguyen NH. 2019. Genetic Variation in Disease Resistance Against White Spot Syndrome Virus (WSSV) in *Litopenaeus vannamei*. *Frontiers in Genetics*. 10:264. ISSN: 1664-8021. <https://doi.org/10.3389/fgene.2019.00264>

VEHVILÄINEN H, Kause A, Koskinen H, Paananen T. 2010. Genetic architecture of rainbow trout survival from egg to adult. *Genetics research*. 92(1):1-11. ISSN: 0016-6723. <https://doi.org/10.1017/S0016672310000017>

VEHVILÄINEN H, Kause A, Quinton C, Koskinen H, Paananen T. 2008. Survival of the currently fittest: genetics of rainbow trout survival across time and space. *Genetics*. 180(1):507-516. ISSN: 0016-6731. <https://doi.org/10.1534/genetics.108.089896>

YUAN R, Hu Z, Liu J, Zhang J. 2018. Genetic parameters for growth-related traits and survival in Pacific white shrimp, *Litopenaeus vannamei* under conditions of high ammonia-N concentrations. *Turkish Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*. 18(1):37-47. ISSN: 1303–2712. https://doi.org/10.4194/1303-2712-v18_1_05

Zhang J, Cao F, Liu J, Yuan R. 2017. Genetic parameters for growth and survival traits in *Litopenaeus vannamei* at different ages. *Aquaculture International*. 25(5):1901-1911. ISSN: 0967-6120. <https://doi.org/10.1007/s10499-017-0163-9>