



**UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE  
MÉXICO**

---

**MAESTRÍA EN CIENCIAS DE LA PRODUCCIÓN Y DE LA  
SALUD ANIMAL**

**COVARIANZAS GENÉTICAS PARA PESO Y SUPERVIVENCIA A LOS 130  
DÍAS DE EDAD DEL CAMARÓN BLANCO DEL PACÍFICO, *Penaeus*  
(*Litopenaeus*) *Vannamei***

**TESIS**

**PARA OBTENER EL GRADO DE MAESTRO EN CIENCIAS**

**PRESENTA**

**ALEJANDRO MARTÍNEZ JIMÉNEZ**

**TUTOR:**

**HUGO HORACIO MONTALDO VALDENEGRO**

**COMITÉ TUTORAL**

**HÉCTOR CASTILLO JUÁREZ**

**MAURICIO VALENCIA POSADAS**

**MÉXICO D.F.**

**2011**

## **Dedicatoria**

*A Silvia y Guianachs*, gracias por su amor, estoy seguro que de no haber estado no lo hubiera logrado, sus palabras de aliento siempre han resonado en mi cuando las he necesitado.

*A mi madre* por enseñarme a amar y ver que siempre hay motivos en la vida por los cuales luchar.

*A mis hermanos*, por todo aquello que nos une.

## **Agradecimientos**

Al Creador, por un año más, esperando me deje concluir esta etapa.

A mi tutor, el **Dr. Hugo Horacio Montaldo Valdenegro** quien tuvo una enorme confianza y paciencia conmigo; quien ha enriquecido de manera indudable con sus comentarios este trabajo.

Mi más sincera gratitud al **Dr. Héctor Castillo Juárez** por invitarme hacer parte de este proyecto, y quien ha resultado ser no sólo investigador y tutor sino un ejemplo a seguir.

Gracias al **Dr. Gabriel R. Campos Montes** por la paciencia y el tiempo dedicado en este arduo trabajo de tesis, y al Dr. Mauricio Valencia Posadas por sus valiosas sugerencias e interés.

A la **Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia**, Universidad Nacional Autónoma de México, a **CONACYT** y **Maricultura del Pacífico** por la formación académica.

## Resumen

**MARTÍNEZ JIMÉNEZ ALEJANDRO.** Covarianzas genéticas para peso y supervivencia a los 130 días de edad del camarón blanco del Pacífico, *Penaeus (Litopenaeus) vannamei*. (Dirigida por: HUGO HORACIO MONTALDO VALDENEGRO, HÉCTOR CASTILLO JUÁREZ Y MAURICIO VALENCIA POSADAS).

El objetivo de este estudio fue estimar parámetros genéticos para peso corporal a los 130 días de edad (P130) y de supervivencia de los 70 a los 130 días de edad en el camarón blanco del Pacífico (*Penaeus (Litopenaeus) vannamei*) en condiciones similares a engordas comerciales. El trabajo se llevó a cabo en los estanques de Maricultura del Pacífico SA de CV, que es el laboratorio de producción de postlarva de camarón más grande de México. Se emplearon los registros de las evaluaciones genéticas de los años 2007 a 2010. La estimación de los componentes de varianza de supervivencia y de P130 se realizó con modelos animales uni- y bivariados. Se realizaron análisis dentro de año y para los datos de los cuatro años en conjunto (multigeneracional). Se analizó información procedente de tres diferentes sistemas de manejo: semiintensivo (10 camarones/m<sup>2</sup>); intensivo (30 camarones/m<sup>2</sup>), en estanques localizados en ambos casos en Pozos, Sinaloa; e hiperintensivo (cuya densidad varió entre 85 y 170 camarones/m<sup>2</sup>) en un estanque localizado en Bahía de Kino, Sonora. Los registros para P130 correspondieron a 58,457 individuos provenientes de 1,100 familias, y los de supervivencia a 85,411 individuos de ese mismo número de familias. La media (desviación estándar) para P130 a través del análisis multigeneracional fue 13.6 (2.96) g, con un rango de 3.7 a 31.2 g; mientras que la supervivencia en esos mismos años fue 71.2% (9.9). La heredabilidad ( $h^2 \pm$  error estándar) estimada para P130 con el análisis univariado fue  $0.17 \pm 0.05$ ,  $0.24 \pm 0.07$ ,  $0.19 \pm 0.08$  y  $0.16 \pm 0.07$  para 2007, 2008, 2009 y 2010, respectivamente, mientras que la heredabilidad para supervivencia en esos mismos años se estimó como  $0.04 \pm 0.01$ ,  $0.06 \pm 0.02$ ,  $0.01 \pm 0.02$  y  $0.01 \pm 0.01$ , respectivamente. Con el análisis bivariado multigeneracional la heredabilidad para P130 y supervivencia fueron estimadas como  $0.22 \pm 0.03$  y  $0.03 \pm 0.007$ , respectivamente; y la correlación genética entre ambas características se estimó como  $0.55 \pm 0.09$ . De acuerdo con el valor de heredabilidad estimado para supervivencia y por su importancia económica, ésta puede ser incorporada en los programas de selección. La correlación genética entre peso y supervivencia indica que al seleccionar para P130, habrá una respuesta correlacionada positiva para supervivencia.

**Palabras clave:** Heredabilidad, Supervivencia, Correlación genética, *Penaeus*  
(*Litopenaeus*) *vannamei*

## Abstract

**MARTÍNEZ JIMÉNEZ ALEJANDRO.** Genetic (co)variances for weight and survival at 130 days in Pacific white shrimp, *Penaeus (Litopenaeus) vannamei*. (Directed by: HUGO HORACIO MONTALDO VALDENEGRO, HÉCTOR CASTILLO JUÁREZ Y MAURICIO VALENCIA POSADAS).

The aim of this study was to estimate genetic parameters for weight at 130 days of age (P130) and survival from 70 to 130 days of age in the Pacific white shrimp (*Penaeus (Litopenaeus) vannamei*) under commercial ponds alike conditions. The study was carried out at Maricultura the Pacífico's ponds, which is the largest Mexican shrimp hatchery. We used records from years 2007 to 2010. The estimation of variance components for P130 and survival was based on uni- and bivariate animal models. Analysis was performed within and across years (multigenerational). We analyzed information from three different management systems: semi-intensive (10 shrimps/m<sup>2</sup>), intensive (30 shrimps/m<sup>2</sup>) in ponds located both in Sinaloa, and hyper-intensive (with densities varying from 85 to 170 shrimp/m<sup>2</sup>) in a pond located in Bahia de Kino, Sonora. The records for P130 corresponded to 58,457 individuals from 1,100 families, while 82,326 records from the same number of families were used for survival. The mean (SD) for P130 on the multigenerational analysis was 13.6 (2.96) g, ranging from 3.7 to 31.2 g, whereas survival mean was 71.2% (9.9). Heritability ( $\pm$  SE) estimated for P130 with the univariate analysis was  $0.17 \pm 0.05$ ,  $0.24 \pm 0.07$ ,  $0.19 \pm 0.08$  and  $0.16 \pm 0.07$  for 2007, 2008, 2009 and 2010, respectively, whereas the heritability for survival in those years was estimated as  $0.04 \pm 0.01$ ,  $0.06 \pm 0.02$ ,  $0.01 \pm 0.02$ , and  $0.01 \pm 0.01$ , respectively. Based on the multigenerational bivariate analysis, heritability for P130 and survival was estimated as  $0.22 \pm 0.03$ , and  $0.03 \pm 0.01$ , respectively, and the genetic correlation between these traits was estimated as  $0.55 \pm 0.09$ . Based on the economic importance of survival and on its heritability estimate, this trait can be included in shrimp breeding programs. The observed genetic correlation between body weight and survival suggests that selecting for body weight, will cause a positive correlated response for survival.

**Key words:** Heritability, Survival, Genetic correlation, *Penaeus (Litopenaeus) vannamei*

## Contenido

Dedicatoria.....	i
Agradecimientos.....	ii
Resumen.....	iii
Abstract.....	v
Lista de cuadros .....	ix
1. Introducción.....	1
1.1 Producción mundial del camarón.....	2
1.1.2 Producción nacional de camarón.....	2
1.2 Parámetros genéticos en los programas de mejoramiento genético.....	3
1.2.1 Heredabilidad.....	3
1.2.2 Correlación genética.....	5
1.3 Heredabilidades y correlaciones genéticas de características de crecimiento y supervivencia en especies acuícolas.....	5
1.3.1 Estudios de crecimiento y supervivencia en Peneidos.....	5
1.3.2 Estudios de crecimiento y supervivencia en otras especies acuícolas.....	7
1.4 Justificación.....	8
1.5 Objetivo.....	8
1.6 Hipótesis.....	9
2. Material y métodos.....	9
2.1 Lugar.....	9
2.1.1 Formación de familias.....	9
2.1.2 Manejo.....	10
2.1.3 Edición de datos de peso corporal y supervivencia a los 130 días de edad.....	10
2.1.4 Análisis de la información para peso corporal y supervivencia a los 130 días de edad .....	11
2.1.5 Análisis univariados para peso a los 130 días de edad y supervivencia de los 70 a los 130 días de edad.....	12

<b>2.1.6. Análisis bivariado para peso a los 130 días de edad y supervivencia de los 70 a los 130 días de edad.....</b>	<b>13</b>
<b>3. Resultados.....</b>	<b>14</b>
<b>3.1. Estadísticos descriptivos.....</b>	<b>14</b>
<b>3.2 Heredabilidad y efecto común de las características de peso y supervivencia con el modelo univariado.....</b>	<b>16</b>
<b>3.3 Heredabilidad, efecto común y correlación genética de las características de peso y supervivencia con el modelo bivariado.....</b>	<b>17</b>
<b>4. Discusión.....</b>	<b>21</b>
<b>4.1 Peso corporal.....</b>	<b>21</b>
<b>4.2. Heredabilidad para peso.....</b>	<b>21</b>
<b>4.3 Heredabilidad para supervivencia.....</b>	<b>22</b>
<b>4.4 Efecto común de familia.....</b>	<b>22</b>
<b>4.5 Correlación genética entre las características de peso y supervivencia.....</b>	<b>23</b>
<b>5. Conclusión.....</b>	<b>23</b>
<b>6. Referencias.....</b>	<b>24</b>

## Lista de cuadros

- Cuadro 1. Heredabilidades y correlaciones genéticas estimadas por diversos autores para características de peso, largo corporal y supervivencia en diferentes edades en especies acuícolas.....7**
- Cuadro 2. Estadísticos descriptivos para peso corporal a los 130 días de los años 2007 a 2010.....14**
- Cuadro 4. Medias mínimo cuadráticas del efecto de año-estanque-sexo sobre el peso a los 130 días de edad.....15**
- Cuadro 4. Componentes de varianza, heredabilidad ( $h^2$ ), efectos común ( $f^2$ ) para peso corporal a los 130 días de 2007 a 2009 estimados a partir de modelo univariado.....17**
- Cuadro 5. Componentes de varianza, heredabilidad ( $h^2$ ), efectos comunes de familia de hermanos completos ( $f^2$ ) para supervivencia de los 70 a los 130 días de 2007 a 2010 estimados a partir de modelo univariado.....18**
- Cuadro 6. Heredabilidad ( $h^2$ ), efecto común de familia ( $f^2$ ), y correlaciones genéticas y entre efectos comunes de familia para peso corporal a los 130 días estimados con los modelos bivariados.....19**

## ***1. Introducción***

La industria camaronícola mundial ha crecido de manera importante en la última década; hay más de 100 países que participan en ella ya sea capturando camarón o a través de la acuicultura (FAO, 2006). México ocupa el séptimo lugar en el mundo en cuanto a producción de camarón (cultivado y de captura). La especie que más se cultiva en México es el camarón blanco del Pacífico *Penaeus (Litopenaeus) vannamei* (FAO, 2009). El cultivo de camarones Peneidos se ha convertido en una de las mayores industrias acuícolas alrededor del mundo (Benzie, 2009).

En la actualidad existen programas de mejoramiento genético de distintas especies acuícolas en distintos países, tanto de carácter público como privado (Neira, 2010; Rye *et al.*, 2010). Para desarrollar un programa de mejoramiento genético es importante definir los objetivos y criterios de selección, así como conocer los parámetros genéticos de las características de interés. La estimación de heredabilidad de una característica, permite evaluar cómo el genotipo influye sobre el fenotipo de dicha característica en una población determinada. El valor estimado de la heredabilidad de una característica indica la capacidad de una población para responder a la selección. Además, la correlación genética entre las distintas características o entre la misma característica medida en diferentes ambientes, provee una indicación de cómo dos rasgos están genéticamente relacionados debido a la acción de los mismos genes (Falconer y Mackay, 1996). La estimación de parámetros genéticos, también permite predecir la respuesta genética a la selección y desarrollar índices de selección para múltiples características (Cameron, 1997; Lynch y Walsh, 1997).

En el camarón blanco del Pacífico, las características de crecimiento y supervivencia determinan la producción total a la cosecha en las granjas de cultivo y están estrechamente relacionadas con su eficiencia económica. Por lo tanto, se requiere estimar los parámetros genéticos de estas dos características, incluyendo su correlación genética bajo condiciones de producción comercial, para evaluar el potencial de la selección para su mejoramiento y así contribuir a maximizar el rendimiento de la producción total (Gitterle *et al.*, 2005b).

### ***1.1 Producción mundial del camarón***

Durante el periodo 1998 a 2008, la producción mundial de camarón creció a una tasa media anual de 5.8%. Sin embargo, el ritmo de crecimiento por tipo de producción (cultivado y de captura) fue diferenciado. La producción acuícola creció a una tasa media anual de 11.4%, en tanto, la captura se incrementó a una tasa media anual de 2.9%. De esta forma, para 2008 la producción total fue de 6.5 millones de toneladas, de las cuales 55% fue de captura (3.6 millones de toneladas) y 45% de cultivo (2.9 millones de toneladas) y en 2009 la producción mundial de camarón se ubicó en 6.7 millones de toneladas (54.2% captura y 45.8% de camarón cultivado) (Conapesca-Sagarpa, 2008).

Los países con mayores capturas de camarón son China, India, Indonesia y Canadá. México se ubica en la décima posición con una participación del 5.2% de la captura mundial. Con relación a la producción de camarón de cultivo destacan China, Tailandia, Vietnam, Indonesia e India. En esta categoría México ocupa el sexto lugar, participando con 7.0% de la producción. Cabe mencionar que los cinco países asiáticos citados, en conjunto, aportan el 82% de la oferta de camarón cultivado a nivel mundial (China 53%, India 10%, Indonesia 9% y Tailandia 8% (FAO, 2009).

#### ***1.1.2 Producción nacional de camarón***

En México la producción de camarón creció a una tasa media anual de 8.1% entre 1998 y 2008. Es importante destacar que mientras la producción de captura ha decrecido a una tasa media anual de 0.5%, la producción de camarón de cultivo reportó crecimientos medios anuales de 18.9% durante este periodo. Para 2009 la producción fue 203 mil toneladas de camarón en peso vivo. En cuanto a la producción de camarón cultivado en granjas acuícolas, en el 2009 la producción fue de 139 mil toneladas. Los estados de Sonora y Sinaloa, produjeron en conjunto el 61.3 y 28.2% de la producción de camarón de cultivo nacional, respectivamente (FAO, 2009).

## ***1.2 Parámetros genéticos en los programas de mejoramiento genético***

Los productores mexicanos demandan camarones mejorados de alta calidad, es decir, con mayores tasas de crecimiento y supervivencia (Panorama acuícola, 2009). Los organismos destinados a la engorda son el resultado programas de mejoramiento genético, lo que permite mejorar la eficiencia de la producción del productor comercial (Benzie, 1998).

La estimación de parámetros genéticos como la heredabilidad y las correlaciones genéticas, fenotípicas y ambientales entre los rasgos de importancia económica son requeridas para obtener predicciones de respuesta a la selección más confiables y para desarrollar índices de selección con múltiples características (Lutz, 2001; Rezk *et al.*, 2009; Gjedrem, 2010).

### ***1.2.1 Heredabilidad ( $h^2$ )***

La heredabilidad ( $h^2$ ) es el parámetro genético más importante en una población y es utilizado tanto en la estimación del valor genético de los individuos como en la predicción de la respuesta a la selección, independientemente del esquema de selección (Van Vleck *et al.*, 1987; Hill, 2010). La heredabilidad en sentido estrecho ( $h^2$ ) o simplemente heredabilidad, se define como la proporción o el porcentaje de la variación fenotípica atribuible a la variación genética aditiva entre individuos para una característica en una población ( $h^2 = \sigma^2_A / \sigma^2_P$ ) (Falconer y Mackay, 1996). Interesa conocer la heredabilidad de una característica porque da una idea de las posibilidades de hacer selección para la misma. Si ésta es alta, significa que gran parte de la variación observada se debe a causas genéticas aditivas (heredables), por lo que escogiendo a los mejores individuos se estarán escogiendo también a los que tienen mejores alelos y a los que mejor descendencia dejarán (Van Vleck *et al.*, 1987). En definitiva, la heredabilidad expresa la fiabilidad del valor fenotípico en cuanto a indicador del valor mejorante, o bien la correspondencia entre los valores fenotípicos y mejorantes (Falconer y Mackay, 1996). Por esta razón la heredabilidad se liga a los métodos de selección.

Los métodos de selección utilizados en acuicultura son:

#### **Selección familiar**

En este sistema de selección familiar, las familias completas son aceptadas o rechazadas como unidades de acuerdo con su valor fenotípico de la familia y no se

consideran los valores individuales, salvo para determinar el valor de la media familiar, es decir, se da una ponderación de cero a las desviaciones intrafamiliares.

### **Selección intrafamiliar**

En la selección intrafamiliar, el criterio de selección es la desviación de cada individuo con respecto a la media de la familia a la que pertenece, por tanto aquellos individuos que superan la media familiar en una cantidad mayor, son considerados más deseables para la selección.

### **Selección masal**

La selección masal o truncada consiste simplemente en la utilización de los animales de mayor crecimiento en edad reproductiva. Bajo estas condiciones se cuenta con decenas o cientos de miles de individuos sobre los cuales se puede aplicar una presión de selección muy alta. Así por ejemplo, en un estanque con un millón de animales, es posible seleccionar 10 000 individuos que sean los que tienen el mayor peso de la población. Esa presión de selección corresponde al 1% superior. El peso de selección mínima es lo que se conoce como punto de truncación.

#### **1.2.2 Correlación genética ( $r_g$ )**

En cualquier programa de selección es importante conocer la magnitud de las correlaciones genéticas entre las características seleccionadas, con el fin de optimizar la selección para un conjunto de características y predecir las respuestas correlacionadas a la selección (Gjøen *et al.*, 1997;). La correlación genética ( $r_g$ ) es una medida del grado de asociación que se da entre los valores genéticos mejorantes de dos características, ésta indica la magnitud de la asociación genética entre dichos valores, y puede ser calculada de la siguiente forma:

$$r_G = \frac{\sigma_{A_1, A_2}}{\sigma_{A_1} \sigma_{A_2}}$$

Donde  $\sigma_{A_1, A_2}$  es la covarianza genética aditiva entre las características  $A_1$  y  $A_2$ ,  $\sigma_{A_1}$ , y  $\sigma_{A_2}$  son las desviaciones estándar genéticas aditivas de las características  $A_1$  y  $A_2$ , respectivamente. Dependiendo del signo y la magnitud de la  $r_G$  será la manera en que están asociadas las variables involucradas; ésta puede tomar valores desde -1 hasta 1 (Cameron, 1997). Muchas características están genéticamente correlacionadas como

consecuencia de la pleiotropía y el ligamiento; la magnitud de la correlación inducida por la pleiotropía expresa en qué medida dos características están influenciadas por los mismos genes (Bowman, 1976; Falconer y Mackay, 1996).

### ***1.3 Heredabilidades y correlaciones genéticas de características de crecimiento y supervivencia en especies acuícolas***

#### ***1.3.1 Estudios de crecimiento y supervivencia en peneidos***

Donato *et al.*, (2008) evaluaron los efectos de la selección familiar sobre la tasa de crecimiento en cuatro líneas genéticas de *P. vannamei*. La selección se realizó en 50 familias de hermanos, producidas utilizando inseminación artificial. La media de peso familiar fue 16.8 g y la tasa de crecimiento de los 43 a los 138 días de edad fue 0.169 g/d. La media del índice de crecimiento por generación fue de 0.141 g/d para la generación parental (P<sub>0</sub>), de 0.173 g/d para la F<sub>1</sub> y de 0.191 g/d para la F<sub>2</sub>. En una población en cautiverio de camarón blanco del Pacífico en dos ambientes, la heredabilidad estimada para crecimiento fue 0.25. Pérez-Rostro e Ibarra (2003a) estimaron también en esta especie heredabilidades de longitud total a las diecisiete semanas de edad como  $0.22 \pm 0.17$ , para longitud abdominal a las veintitrés semanas como  $0.32 \pm 0.18$ , para longitud del cefalotórax a las veintinueve semanas como  $0.35 \pm 0.18$ , y para peso total a las veintinueve semanas como  $0.35 \pm 0.18$ .

Castillo-Juárez *et al.*, (2007) estimaron la heredabilidad de peso a los 130 días en *Penaeus (Litopenaeus) vannamei* con datos de familias creciendo en cuatro ambientes diferentes. La media del peso familiar fue 18.2 g, con un rango de 8.4 a 30 g. Las heredabilidades para peso variaron entre  $0.24 \pm 0.14$  a  $0.35 \pm 0.18$  a través de los ambientes, y con un enfoque multivariado la estimaron entre  $0.37 \pm 0.06$  y  $0.45 \pm 0.09$ . En la misma población que evaluó Castillo-Juárez *et al.*, (2007), pero con datos que incluyeron los registros de 18,087 individuos, hijos de 113 sementales y 143 hembras Campos *et al.*, (2009) obtuvo estimados de heredabilidad para peso corporal entre  $0.14 \pm 0.06$  a  $0.39 \pm 0.04$ .

Gitterle *et al.*, (2005b) en *P. vannamei* evaluaron la heredabilidad del peso a la cosecha y de la supervivencia bajo condiciones comerciales. La heredabilidad para peso a la cosecha en las dos líneas la estimaron como 0.20 y 0.17 y la de supervivencia en estanque/tanque como 0.04 y 0.10. La correlación entre los valores genéticos predichos

para peso y supervivencia fue 0.42 (línea 1) y 0.40 (línea 2), indicando que al seleccionar para crecimiento se obtiene un respuesta positiva (favorable) en la supervivencia. En la misma población que evaluó Castillo-Juárez *et al.*, (2007), pero con datos que incluyeron los registros de 108 familias en cada año 2004 y 2005, Trani (2007) estimó la heredabilidad de supervivencia bajo condiciones comerciales de los 70 a los 130 días de edad como 0.07. Por su parte, Kenway *et al.*, (2006) en *Penaeus monodon* estimaron la heredabilidad para peso a las 16, 30, 40 y 54 semanas como  $0.56 \pm 0.04$ ,  $0.55 \pm 0.07$ ,  $0.45 \pm 0.11$  y  $0.53 \pm 0.14$ , respectivamente; las heredabilidades de supervivencia en los periodos de 4 a 10, 10 a 16 y de 16 a 35 semanas se estimaron como  $0.51 \pm 0.19$ ,  $0.36 \pm 0.19$  y  $0.72 \pm 0.17$ , respectivamente. Las correlaciones genéticas entre tasa de crecimiento y la supervivencia en el periodo de la semana 4 a 10 de supervivencia en relación con la semana 16 a 30, 16 a 40 y 16 a 54 de peso, se estimaron como  $0.00 \pm 0.26$ ,  $0.13 \pm 0.34$  y  $0.15 \pm 0.29$ , respectivamente; para el periodo de la semana 10 a 16 de supervivencia con respecto a la semana 16 a 30, 16 a 40 y 16 a 54 de peso, se estimaron como  $-0.02 \pm 0.29$ ,  $0.03 \pm 0.37$  y  $0.41 \pm 0.30$ , respectivamente; y para el periodo de la semana 16 a 35 de supervivencia con respecto a la semana 16 a 30, 16 a 40 y 16 a 54 de peso los valores se estimaron como  $0.46 \pm 0.18$ ,  $0.18 \pm 0.27$  y  $0.18 \pm 0.23$ , respectivamente.

### ***1.3.2 Estudios de crecimiento y supervivencia en otras especies acuícolas***

Robison y Leumpert (1984) estimaron la heredabilidad para el peso a los 144 días ( $0.08 \pm 0.13$ ) y a los 243 días ( $0.60 \pm 0.27$ ) de edad en trucha arroyo (*Salvelinus fontinalis*) con base en los componentes de varianza de semental. Cuando estimaron la heredabilidad basados en los componentes de madre, los valores fueron más bajos tanto a los 144 ( $0.34 \pm 0.19$ ) como a los 243 ( $0.37 \pm 0.22$ ) días de edad. Estos autores estimaron además la heredabilidad para supervivencia a los 144 días como  $0.04 \pm 0.04$ , y la correlación genética entre peso y supervivencia a los 144 días como cercana a cero (0.06), pero alta y negativa a los 243 días de edad (-0.87). En otro estudio en esa misma especie Perry *et al.*, (2004) estimaron la heredabilidad para resistencia temprana a la furunculosis y la de peso corporal. Utilizaron 23 familias de medios hermanos paternos y hermanos. La heredabilidad para peso a los 318 días se estimó como 0.57. Para estimar la heredabilidad de supervivencia los peces fueron infectados de furunculosis y la heredabilidad de dicha supervivencia fue 0.51, también estimaron la correlación

genética entre peso y supervivencia cuyo valor fue de 0.15. Gjerde *et al.*, (2004) en el bacalao del Atlántico (*Gadus morhua*) en dos generaciones de noruega estimaron las heredabilidades para peso corporal dentro de región como 0.29 y 0.52, y las de supervivencia como cero. Charo-Karisa *et al.*, (2006) en tilapia del Nilo (*Oreochromis niloticus*) estimaron la heredabilidad para peso a los 289, 293 y 318 días de edad en tres generaciones (G0, G1 y G2) como  $0.60 \pm 0.08$ ,  $0.38 \pm 0.12$  y  $0.51 \pm 0.19$ , respectivamente. La heredabilidad para supervivencia en las tres generaciones se estimó como  $0.12 \pm 0.03$  (G0),  $0.03 \pm 0.03$  (G1) y  $0.14 \pm 0.04$  (G2). En el Cuadro 1 se resumen parámetros estimados para características de crecimiento y supervivencia en distintas especies acuícolas.

Cuadro 1. Heredabilidad ( $h^2$ ) y correlaciones genética ( $r_g$ ) estimadas por diversos autores para características de peso y supervivencia en diferentes edades en especies acuícolas.

Especie	Característica	$h^2$ (e.e.)	$r_g$ (e.e.)	Edad	Autor (año)
<i>Salmon salar</i>	Supervivencia	$0.04 \pm 0.05$			Jonasson <i>et al.</i> , 1992
	Peso	$0.16 \pm 0.12$	$0.31 \pm 0.26$	190 días	
<i>Haliotis asinina</i>	Peso	$0.36 \pm 0.13$			Lucas <i>et al.</i> , 2006
<i>Oreochromis niloticus</i>	Supervivencia	$0.12 \pm 0.03$	$0.46 \pm 0.20$		Rezk <i>et al.</i> , 2009
	Peso	$0.45 \pm 0.28$			
<i>Salvelinus fontinalis</i>	Supervivencia	$0.51 \pm 0.03$	$0.15 \pm 0.06$	310 días	Perry <i>et al.</i> , 2004
	Peso	$0.57 \pm 0.04$			
<i>Salmon salar</i>	Supervivencia	0.08	0.17 a 0.20	320 días	Standal y Gjerde., 1987
<i>Gadus morhua</i>	Supervivencia	$0.00 \pm 0.13$		270 días	Gjerde <i>et al.</i> , 2004
	Peso	$0.52 \pm 0.26$			
<i>Salmon salar</i>	Supervivencia	$0.38 \pm 0.09$		275 días	Ódegård <i>et al.</i> , 2006
<i>Oncorhynchus mykiss</i>	Supervivencia	$0.06 \pm 0.03$		35 días	Rye <i>et al.</i> , 1990
<i>Salmon salar</i> <i>Oreochromis niloticus</i>	Supervivencia	$0.08 \pm 0.02$		35 días	
	Supervivencia	$0.03 \pm 0.04$ a $0.14 \pm 0.06$		289 318	Charo-Karisa <i>et al.</i> , 2006

e.e.: error estándar

#### **1.4. Justificación**

En la producción de camarón blanco del Pacífico, *Penaeus (Litopenaeus) vannamei*, el crecimiento y la supervivencia determinan de manera importante la rentabilidad. Por tal motivo, para tener una correcta evaluación de candidatos a la selección, así como tener un diseño eficiente de los programas de selección y una predicción a la respuesta a la selección más confiable, es necesaria la estimación de los parámetros genéticos del crecimiento y de supervivencia.

#### **1.5. Objetivo**

Estimar la heredabilidad de peso a los 130 días de edad, y de la supervivencia entre los 70 y los 130 días de edad, así como la correlación genética entre estas características, en una población seleccionada de camarón blanco del Pacífico, *Penaeus (Litopenaeus) vannamei*.

#### **1.6. Hipótesis**

Las heredabilidades de peso y supervivencia son diferentes de cero.

La correlación genética entre estas características es mayor a cero.

### **2. Material y métodos**

#### **2.1 Lugar**

Los datos de peso a los 130 días y de supervivencia de los 70 a los 130 días de edad utilizados en este estudio fueron obtenidos de los ciclos de producción 2007 a 2010 de la empresa Maricultura del Pacífico, S. A. de C. V. Esta empresa se dedica a la producción de postlarva de camarón *P. vannamei* en México, y se ubica en el municipio del Rosario, Sinaloa.

### **2.1.1 Formación de familias**

Los datos provienen de una población domesticada de *P. vannamei* que fue seleccionada desde 1998 para aumentar el peso corporal a los 130 días de edad. La selección inicial se realizó con base en las medias fenotípicas familiares (selección familiar fenotípica) y por selección masal (individual) dentro de familia. A partir de 2003 la selección de familias se basó en las medias de los valores genéticos familiares predichos utilizando un modelo animal y una selección masal de intensidad variable dentro de las familias seleccionadas.

Las familias provienen del apareamiento de 107 machos y 148 hembras en 2007, 113 machos y 143 hembras para 2008, 112 machos y 149 hembras en 2009, y 111 machos y 148 hembras en 2010. Haciendo uso de inseminación artificial, se generaron 200 (2007) y 300 (2008, 2009, y 2010) familias de hermanos y medios hermanos paternos usando una proporción de dos hembras por cada macho. Se evitaron apareamientos que produjeran familias con 6.25% o más de consanguinidad. Las hembras inseminadas en los años 2007 y 2008, fueron colocadas para desovar en tanques de 500 L. En 2009 y 2010 las hembras inseminadas se colocaron para desovar en tanques de 200 L. Luego de ocurrida la eclosión, los nauplios de cada familia se sembraron en 3 (2007) y 2 (2008 y 2009) tanques con 200 L de agua a una densidad aproximada de 100 camarones/L.

### **2.1.2 Manejo**

A los 55 días de edad los individuos de cada familia fueron marcados con tres elastómeros de 6 colores diferentes (Northwest Marine Technology®) que fueron colocados en el último segmento abdominal, uno en cada lado del camarón y otro de manera dorsal. La combinación de colores y posiciones representó el código para la identificación de cada familia. Una semana después del marcaje de los individuos, fueron trasladados a dos estanques de engorda, ubicados en Los Pozos. Del 2007 a 2009 ahí se sembraron en cada año 50 animales de cada familia en dos estanques de tierra de 0.2 ha a densidades de 10 y 30 camarones/m<sup>2</sup>, respectivamente. Estas densidades son representativas de los sistemas comerciales comunes en México. Los estanques tuvieron una columna de agua de 1.4 m con temperatura promedio de 32 °C, con una salinidad en un rango de 30 a 35 ppt y con recambio diario de agua variando entre 5 y 20%, según

la etapa de crecimiento. Se les proporcionó alimento comercial con 35 a 40% de proteína, y la cantidad diaria correspondió a 3% de la biomasa de los estanques.

Un tercer grupo de 50 individuos de cada familia fue sembrado en Bahía de Kino, en un estanque de concreto de 4 m de ancho, 16 m de largo y 2 m de profundidad, con una temperatura promedio de 30 °C, salinidad de 35 ppt con aireación artificial constante y recambio diario de agua menor a 5%. En este ambiente, las densidades fueron 170 camarones/m<sup>2</sup> (2007), 85 camarones/m<sup>2</sup> (2008) y 100 camarones/m<sup>2</sup> (2009), respectivamente.

### ***2.1.3 Edición de datos de peso corporal y supervivencia a los 130 días***

Todos los individuos de cada tanque fueron cosechados entre 7 y 9 semanas posteriores a la siembra. A los animales con marca de familia se les identificó el sexo y se verificó la posible presencia de defectos físicos. Posteriormente, para obtener el peso a la cosecha (130 días) se les retiró el agua residual con una toalla de tela y se colocaron, de forma individual, dentro de un vaso en una báscula tarada a cero gramos.

Se descartaron los individuos con deformidades, enanismo, sexo indefinido y marcas de familia incompletas o con errores de lectura, que representaron el 1.7% (2007), 9.5% (2008), 4.4% (2009), y 1.2% (2010) de los registros iniciales. Para los análisis se utilizaron los registros de producción de 2007 (17,596), 2008 (18,119), 2009 (9,496) y 2010 (13,246). Al final de cada ciclo, los animales que sobrevivieron fueron contados y comparados con la cantidad sembrada para obtener la tasa de supervivencia familiar.

### ***2.1.4 Análisis de la información para peso corporal y supervivencia a los 130 días***

La estimación de los componentes de varianza de supervivencia y peso se realizó con modelos uni y bivariados. Se realizaron análisis dentro de año y para los datos de los cuatro años en conjunto (multigeneracional). La selección del modelo se basó en el criterio de información Schwarz o de información bayesiana (BIC); el criterio BIC se plantea como  $-2L + S (\log N^*)$ , donde L es la función de verosimilitud asociada al modelo,  $S = P + K$  (P grados de libertad de los efectos fijos del modelo y K grados de libertad de los efectos aleatorios), y  $N^* = N - P$  (N son las observaciones); el mejor modelo es aquel que presenta el menor valor (Gurka; 2006).

Los modelos evaluados fueron para los análisis univariados de peso dentro de año y se utilizaron dos modelos: 1) incluye la combinación año-estanque, edad y sexo, como efectos fijos, 2) incluye la combinación año-estanque-sexo como efecto fijo. Para los análisis univariados de supervivencia dentro de año se utilizó el modelo que incluyó como efecto fijo la combinación año-estanque. Los tres modelos anteriores se utilizaron de manera multigeneracional. Para los análisis bivariados pesos-supervivencia se utilizaron dos modelos: 1) incluyó la combinación año-estanque-sexo-edad como efecto fijo, 2) incluyó la combinación año-estanque-sexo como efecto fijo. Estos dos modelos se utilizaron también de manera multigeneracional. Los modelos con el menor valor de BIC fueron los que incluyeron la combinación de año-estanque-sexo.

Para los análisis multigeneracionales se utilizó la información de producción disponible de cada característica. La matriz de genealogía incluyó todas las relaciones de parentesco de los progenitores nacidos desde el año 2002 y de los camarones con registro de producción nacidos en cada año para peso (58,457) y supervivencia (85,411).

### ***2.1.5 Análisis univariados para peso a los 130 días de edad y supervivencia de los 70 a los 130 días de edad***

El modelo animal univariado matricialmente queda expresado como:

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Zu} + \mathbf{Wf} + \mathbf{e}$$

Donde  $\mathbf{y}$  es un vector de observaciones (peso corporal a los 130 días o supervivencia individual entre 70 y 130 días, donde a los supervivientes se asignó 1 y a los muertos 0),  $\mathbf{b}$  es el vector desconocido de efectos fijos,  $\mathbf{u}$  es el vector desconocido de efectos aleatorios genéticos aditivos,  $\mathbf{u} \sim N(0, \sigma_u^2 \mathbf{A})$ ,  $\mathbf{f}$  es el vector desconocido de efectos aleatorios comunes de familia de hermanos,  $\mathbf{f} \sim N(0, \sigma_f^2 \mathbf{I})$ , y  $\mathbf{e}$  es el vector de efectos aleatorios residuales,  $\mathbf{e} \sim N(0, \sigma_e^2 \mathbf{I})$  y  $\mathbf{X}$ ,  $\mathbf{Z}$ , y  $\mathbf{W}$  son matrices de incidencia conocidas que relacionan los datos con los efectos fijos, genético aditivo y común de familia de hermanos, respectivamente. Suponiendo normalidad se tiene que:

$$\begin{bmatrix} \mathbf{y} \\ \mathbf{u} \\ \mathbf{f} \\ \mathbf{e} \end{bmatrix} \sim N \left( \begin{bmatrix} \mathbf{X}\beta \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} V & \mathbf{ZG} & \mathbf{WF} & \mathbf{R} \\ \mathbf{GZ}' & \mathbf{G} & 0 & 0 \\ \mathbf{FW}' & 0 & \mathbf{G} & 0 \\ \mathbf{R}' & 0 & 0 & \mathbf{R} \end{bmatrix} \right)$$

Con  $V = \text{var}(\mathbf{y}) = \mathbf{ZGZ}' + \mathbf{WFW}' + \mathbf{R}$ , donde  $\mathbf{G} = \mathbf{gA} = \text{var}(\mathbf{u})$ , la matriz de (co)varianzas genéticas ( $\mathbf{gA} = \sigma_u^2 \mathbf{A}$ ),  $\mathbf{g}$  representa la varianza genética aditiva y  $\mathbf{A}$  es la matriz de relaciones genéticas aditivas entre todos los camarones en el archivo de pedigrí,  $\mathbf{F} = \text{var}(\mathbf{f})$ , la matriz de (co)varianzas de los efectos comunes de familia de hermanos ( $\mathbf{F} = \sigma_f^2 \mathbf{I}$ ) y  $\mathbf{R} = \text{var}(\mathbf{e})$ , la matriz de (co)varianzas de los residuos ( $\mathbf{R} = \sigma_e^2 \mathbf{I}$ ).

### 2.1.6. Análisis bivariado para peso a los 130 días de edad y supervivencia de los 70 a los 130 días de edad

Para el modelo bivariado, suponiendo normalidad, la representación matricial es:

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Zu} + \mathbf{Wf} + \mathbf{e}$$

Donde  $\mathbf{y}$  representa el vector de observaciones (peso corporal a los 130 días o supervivencia individual entre 70 y 130 días, donde a los supervivientes se asignó 1 y a los muertos 0), los vectores  $\mathbf{b}$ ,  $\mathbf{u}$ ,  $\mathbf{f}$ , y  $\mathbf{e}$ , así como las matrices  $\mathbf{X}$ ,  $\mathbf{Z}$  y  $\mathbf{W}$  son iguales a lo descrito para el modelo univariado. Se supone que  $\mathbf{u}_i \sim N(0, \mathbf{A}\sigma_u^2 = \mathbf{G})$ ,  $\mathbf{f}_i \sim N(0, \mathbf{I}\sigma_f^2 = \mathbf{F})$ ,  $\mathbf{e}_i \sim N(0, \mathbf{I}\sigma_e^2 = \mathbf{R})$  y que todas las covarianzas entre  $\mathbf{u}$ ,  $\mathbf{f}$  y  $\mathbf{e}$  son nulas, por lo tanto:

$$\text{var} \begin{bmatrix} \mathbf{u}_1 \\ \mathbf{u}_2 \\ \mathbf{f}_1 \\ \mathbf{f}_2 \\ \mathbf{e}_1 \\ \mathbf{e}_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{g}_{11}\mathbf{A} & \mathbf{g}_{12}\mathbf{A} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \mathbf{g}_{21}\mathbf{A} & \mathbf{g}_{22}\mathbf{A} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \mathbf{f}_{11}\mathbf{I} & \mathbf{f}_{12}\mathbf{I} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \mathbf{f}_{21}\mathbf{I} & \mathbf{f}_{22}\mathbf{I} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \mathbf{e}_{11} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \mathbf{e}_{22} \end{bmatrix}$$

Donde  $\mathbf{g}_{ij}$  representa los elementos de la matriz  $\mathbf{G}$ , esto es, las (co)varianzas aditivas de peso corporal y supervivencia.  $\mathbf{A}$  es la matriz de relaciones genéticas aditivas, en tanto que  $\mathbf{f}_{ij}$  y  $\mathbf{e}_{ij}$  son los elementos de las matrices  $\mathbf{F}$  y  $\mathbf{R}$  que representan las (co) varianzas de efectos comunes de familia de hermanos y de los efectos residuales, respectivamente de peso corporal y supervivencia. Las ecuaciones de los modelos mixtos quedan expresadas de la siguiente manera:

$$\begin{bmatrix} \hat{\mathbf{b}} \\ \hat{\mathbf{u}} \\ \hat{\mathbf{f}} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{X} & \mathbf{X}'\mathbf{Z} & \mathbf{X}'\mathbf{W} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{X} & \mathbf{Z}'\mathbf{Z} + \mathbf{A}^{-1} \otimes \mathbf{G}^{-1} & \mathbf{Z}'\mathbf{W} \\ \mathbf{W}'\mathbf{X} & \mathbf{W}'\mathbf{Z} & \mathbf{W}'\mathbf{W} + \mathbf{I} \otimes \mathbf{F}^{-1} \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{y} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{y} \\ \mathbf{W}'\mathbf{y} \end{bmatrix}$$

Para la estimación de los componentes de (co) varianza se utilizó el programa AsReml.10 (Gilmour *et al.*, 1998). El cálculo de las varianzas fenotípicas se realizó a partir de la suma de los componentes de varianza de los efectos aleatorios de cada variable en cada caso. La heredabilidad ( $h^2$ ) y la proporción de efectos comunes de familia de hermanos ( $f^2$ ) se estimaron a partir de la proporción de la varianza fenotípica correspondiente de cada componente en cada modelo.  $\otimes$  Define el producto kroneker.

### 3. Resultados

#### 3.1. Estadísticos descriptivos

Los estadísticos descriptivos para los años 2007 a 2010 de peso a los 130 días y supervivencia de los 70 a 130 días de edad se muestran en el Cuadro 2. El Cuadro 3 se presentan las medias mínimo cuadráticas que muestran el efecto de año-estaque-sexo, sobre el peso a los 130 días. Los componentes de varianza y los estimadores para  $h^2$  y  $f^2$  de peso y supervivencia del modelo univariado se presentan en el Cuadro 4 y 5 respectivamente; y los estimadores de  $h^2$ ,  $f^2$ , covarianzas y correlaciones del modelo bivariado en el Cuadro 6.

A través de los años (2007 a 2010) la media (DE) para peso a los 130 días varió entre los distintos estanques, en un rango de 12.00 (2.01) a 15.55 g (2.57); y la media general para peso varió en un rango de 12.01 (2.63) a 15.05 g (2.53). En el análisis multigeneracional la media de peso a los 130 días en los diferentes estanques fue de 10.38 a 15.20 g y la media general de peso fue de 13.60 g con una desviación estándar de 2.97 g. El promedio de peso a los 130 días disminuyó conforme aumentó la densidad de siembra. La supervivencia de los 70 a los 130 días en esos mismos años fue diferente en las distintos estanques en un rango de 54.95 al 80.12 %; y entre años varió en un rango de 60.80 a 77.47 % (Cuadro 2). Las hembras fueron más pesadas que los machos en todos los años (Cuadro 3).

Cuadro 2. Estadísticos descriptivos para peso corporal a los 130 días y porcentaje de supervivencia de los años 2007 a 2010.

	n	Media(g)	Desviación estándar	Mínimo	Máximo	% Supervivencia
2007						
Estanque 1	5754	15.55	2.57	3.52	31.16	76.71
Estanque 3	5356	12.25	2.44	3.07	25.68	71.50
Estanque 6	6486	13.27	2.41	3.16	28.72	75.67
MACHOS	8239	13.68	2.67	4.00	31.10	
HEMBRAS	9327	13.74	2.94	3.16	29.20	
General	17596	13.70	2.83	3.07	31.16	74.63
2008						
Estanque 1	6028	13.73	2.28	4.06	30.94	80.12
Estanque 3	5776	12.00	2.01	4.30	27.77	76.97
Estanque 4	6315	10.39	2.40	4.01	24.67	75.32
MACHOS	8752	11.89	2.55	4.02	29.36	
HEMBRAS	9303	12.15	2.65	4.10	30.94	
General	18119	12.01	2.63	4.01	30.94	77.47
2009						
Estanque 1	2977	16.77	2.38	6.55	27.57	66.27
Estanque 3	2477	12.74	2.21	5.17	29.80	54.95
Estanque 5	4042	13.67	2.60	5.05	26.48	61.15
MACHOS	4564	14.31	2.80	5.13	27.30	
HEMBRAS	4863	14.53	3.01	5.17	29.80	
General	9496	14.4	2.94	5.05	29.80	60.80
2010						
Estanque 1	2969	15.96	2.06	5.81	23.83	66.27
Estanque 2	2942	13.00	1.79	5.84	22.26	65.38
Estanque 3	2860	14.86	2.27	5.52	24.83	63.55
Estanque 5	4475	15.91	2.59	4.58	25.99	68.14
MACHOS	6625	14.86	2.46	5.52	25.09	
HEMBRAS	6621	15.23	2.59	4.58	25.99	
General	13246	15.05	2.53	4.58	25.99	65.83
Multigeneracional						
Estanque 1	17728	15.20	2.62	3.52	31.16	78.40
Estanque 2	2942	13.00	1.79	5.84	22.26	65.38
Estanque 3	16469	12.68	2.45	3.07	29.80	68.59
Estanque 4	6315	10.38	2.40	4.01	24.67	75.32
Estanque 5	8517	14.84	2.82	4.58	26.48	64.64
Estanque 6	6486	13.27	2.41	3.16	28.72	74.67
MACHOS	28180	13.50	2.85	4.00	31.16	
HEMBRAS	30114	13.70	3.02	3.16	30.90	
General	58457	13.60	2.96	3.07	31.16	71.16

n: número de registros, Mínimo.: valor mínimo, Máximo.: valor máximo, Estanque 1: 10 camarones/m<sup>2</sup>, Estanque 2: 15 camarones/m<sup>2</sup>, Estanque 3: 30 camarones/m<sup>2</sup>, Estanque 4: 85 camarones/m<sup>2</sup>, Estanque 5: 100 camarones/m<sup>2</sup> Estanque 6 : 170 camarones/m<sup>2</sup>

Cuadro 3. Medias mínimo cuadráticas  $\pm$  error estándar del efecto de año-estanque-sexo sobre el peso a los 130 días de edad.

<b>Año-estanque-sexo</b>	<b>Peso(<math>\mu</math>) <math>\pm</math> error estándar (g)</b>
07-estanque1-macho	15.2 $\pm$ 0.24
07-estanque1-hembra	15.5 $\pm$ 0.24
07-estanque3-macho	12.0 $\pm$ 0.24
07-estanque3-hembra	12.0 $\pm$ 0.28
07-estanque6-macho	13.0 $\pm$ 0.24
07-estanque6-hembra	13.0 $\pm$ 0.24
08-estanque1-macho	13.0 $\pm$ 0.26
08-estanque1-hembra	13.1 $\pm$ 0.26
08-estanque3-macho	11.2 $\pm$ 0.26
08-estanque3-hembra	11.3 $\pm$ 0.26
08-estanque4-macho	9.6 $\pm$ 0.26
08-estanque4-hembra	9.9 $\pm$ 0.26
09-estanque1-macho	15.4 $\pm$ 0.27
09-estanque1-hembra	15.7 $\pm$ 0.27
09-estanque3-macho	11.4 $\pm$ 0.28
09-estanque3-hembra	11.6 $\pm$ 0.27
09-estanque5-macho	12.3 $\pm$ 0.27
09-estanque5-hembra	12.6 $\pm$ 0.27
10-estanque1-macho	14.0 $\pm$ 0.28
10-estanque1-hembra	14.3 $\pm$ 0.28
10-estanque2-macho	11.1 $\pm$ 0.28
10-estanque2-hembra	11.4 $\pm$ 0.28
10-estanque3-macho	12.9 $\pm$ 0.28
10-estanque3-hembra	13.2 $\pm$ 0.28
10-estanque5-macho	13.9 $\pm$ 0.28
10-estanque5-hembra	14.3 $\pm$ 0.28

Estanque 1: 10 camarones/m<sup>2</sup>, Estanque 2: 15 camarones/m<sup>2</sup>, Estanque 3: 30 camarones/m<sup>2</sup>, Estanque 4: 85 camarones/m<sup>2</sup>, Estanque 5: 100 camarones/m<sup>2</sup> Estanque 6 : 170 camarones/m<sup>2</sup>

### ***3.2 Heredabilidad y efecto común de las características de peso y supervivencia con el modelo univariado***

Los estimados de la heredabilidad de peso y su error estándar ( $h^2 \pm$  error estándar) con el modelo univariado (año-estanque-sexo) variaron en un rango de  $0.16 \pm 0.07$  a  $0.24 \pm 0.07$ . Con el análisis multigeneracional univariado la heredabilidad de peso se estimó como  $0.21 \pm 0.04$ . Los valores de  $f^2$  se encuentran en un rango de  $0.032 \pm 0.018$  a  $0.131 \pm 0.030$  (Cuadro 4). Las estimaciones de heredabilidad para supervivencia con el modelos univariado (año-estanque) a través de los años variaron entre  $0.007 \pm$

0.015 y  $0.054 \pm 0.019$ . Las heredabilidades estimadas en los años 2007 y 2008 fueron  $0.030 \pm 0.013$  y  $0.054 \pm 0.018$ , resultando más altas que en los años 2009 y 2010. Con el análisis multigeneracional univariado (año-estanque) la heredabilidad de supervivencia fue  $0.027 \pm 0.007$ , y el valor de  $f^2$  fue  $0.024 \pm 0.002$  (Cuadro 4).

### ***3.3 Heredabilidad, efecto común y correlación genética de las características de peso y supervivencia con el modelo bivariado***

La heredabilidad del peso a los 130 días estimada con el modelo bivariado a través de los años varió entre  $0.17 \pm 0.05$  y  $0.24 \pm 0.08$ , y la de supervivencia entre  $0.007 \pm 0.014$  y  $0.038 \pm 0.015$ . Los valores de  $f^2$  de peso y supervivencia variaron entre  $0.032 \pm 0.018$  y  $0.110 \pm 0.032$ , y entre  $0.004 \pm 0.004$  y  $0.042 \pm 0.008$ , respectivamente. Las correlaciones genéticas y de efecto de ambiente común entre peso y supervivencia para el modelo (año-estanque-sexo) a través de los años (2007 a 2010) variaron de  $0.331 \pm 0.174$  a  $0.803 \pm 0.149$ . Mediante el análisis multigeneracional la correlación genética se estimó como  $0.55 \pm 0.09$ . Mediante el análisis multigeneracional bivariado la heredabilidades estimadas para peso y supervivencia fueron  $0.22 \pm 0.03$  y  $0.031 \pm 0.007$ , respectivamente. El efecto común de ambiente para peso fue estimado como  $0.08 \pm 0.01$  y el de supervivencia como  $0.023 \pm 0.002$ ; y la estimación de la correlación genética fue  $0.55 \pm 0.09$  (Cuadro 6). En el análisis multigeneracional bivariado (de peso a 130 días y de supervivencia de los 70 a los 130 días) de los años 2007 a 2010 los valores de  $h^2$  y  $f^2$  para ambas características fueron consistentes con respecto al análisis multigeneracional univariado.

Cuadro 4. Componentes de varianza, heredabilidades ( $h^2$ ) y proporciones de las varianzas fenotípicas por efectos comunes de familia ( $f^2$ ) para peso corporal a los 130 días de los años 2007 a 2009 estimados a partir de modelo univariado.

Año	$\sigma_A^2$ (e.e.)	$\sigma_F^2$ (e.e.)	$\sigma_R^2$ (e.e.)	$\sigma_P^2$ (e.e.)	$h^2$ (e.e.)	$f^2$ (e.e.)
2007						
AES	1.049 ± 0.351	0.198 ± 0.111	4.938 ± 0.184	6.184 ± 0.121	0.17 ± 0.05	0.03 ± 0.02
2008						
AES	1.224 ± 0.391	0.307 ± 0.128	3.647 ± 0.198	5.179 ± 0.136	0.24 ± 0.07	0.06 ± 0.03
2009						
AES	1.109 ± 0.512	0.593 ± 0.193	4.287 ± 0.259	5.989 ± 0.178	0.19 ± 0.08	0.10 ± 0.03
2010						
AES	0.809 ± 0.388	0.686 ± 0.160	3.721 ± 0.195	5.217 ± 0.155	0.16 ± 0.07	0.13 ± 0.03
Multigeneracional						
AES	1.214 ± 0.224	0.453 ± 0.063	4.080 ± 0.114	5.747 ± 0.088	0.21 ± 0.04	0.08 ± 0.01

AES: Modelo año-estanque-sexo,  $\sigma_A^2$ : varianza genética aditiva,  $\sigma_F^2$ : varianza de efecto común de familia,  $\sigma_R^2$ : varianza residual

$\sigma_P^2$ : varianza fenotípica, e.e.: error estándar

Cuadro 5. Componentes de varianza, heredabilidades ( $h^2$ ), y proporciones de las varianzas fenotípicas por efectos comunes de familia ( $f^2$ ) para supervivencia de los 70 a los 130 días de los años 2007 a 2010 estimados a partir de modelo univariado.

Año	$\sigma^2_A$ (e.e.)	$\sigma^2_F$ (e.e.)	$\sigma^2_R$ (e.e.)	$\sigma^2_P$ (e.e.)	$h^2$ (e.e.)	$f^2$ (e.e.)
2007						
AE	0.007 ±0.002	0.000 ± 0.000	0.186 ± 0.002	0.194 ±0.001	0.036 ±0.013	0.0042 ± 0.004
2008						
AE	0.009 ±0.003	0.001 ± 0.001	0.160 ±0.002	0.171 ± 0.001	0.054 ±0.018	0.008 ± 0.005
2009						
AE	0.0016±0.003	0.009 ±0.0020	0.220 ± 0.003	0.232 ±0.002	0.007 ±0.015	0.042 ± 0.008
2010						
AE	0.001 ± 0.001	0.000 ±0.000	0.163 ± 0.002	0.167 ±0.002	0.011 ±0.011	0.012 ± 0.005
Multigeneracional						
AE	0.004 ± 0.001	0.003 ± 0.000	0.182 ±0.001	0.190 ± 0.001	0.027±0.07	0.024 ± 0.002

AE: Modelo año-estaque,  $\sigma^2_A$ : varianza genética aditiva,  $\sigma^2_F$ : varianza de efecto común de familia,  $\sigma^2_R$ : varianza residual

$\sigma^2_P$ : varianza fenotípica, e.e.: error estándar

Cuadro 6. Heredabilidad ( $h^2$ ), efecto común de familia ( $f^2$ ), y correlación genética y entre efectos comunes de familia para peso corporal a los 130 días y supervivencia de los 70 a los 130 días de los años 2007 a 2010 estimados a partir de modelo bivariado.

Peso/Supervivencia	$h^2_p$ (e.e.)	$h^2_s$ (e.e.)	$f^2_p$ (e.e.)	$f^2_s$ (e.e.)	$\sigma_g$ (e.e.)	$r_g$ (e.e.)	$\sigma_f$ (e.e.)	$r_f$ (e.e.)
2007								
AES	0.17 ± 0.053	0.035 ± 0.012	0.03 ± 0.02	0.004 ± 0.004	0.028 ± 0.015	0.331 ± 0.174	0.002 ± 0.005	0.18 ± 0.42
2008								
AES	0.24 ± 0.067	0.055 ± 0.018	0.06 ± 0.02	0.008 ± 0.005	0.039 ± 0.0146	0.369 ± 0.136	0.005 ± 0.006	0.24 ± 0.31
2009								
AES	0.18 ± 0.076	0.006 ± 0.014	0.10 ± 0.03	0.042 ± 0.008	0.021 ± 0.022	0.537 ± 0.592	0.030 ± 0.012	0.39 ± 0.14
2010								
AES	0.24 ± 0.080	0.038 ± 0.014	0.11 ± 0.03	0.006 ± 0.005	0.073 ± 0.021	0.803 ± 0.149	0.007 ± 0.008	0.32 ± 0.28
Multigeneracional								
AES	0.22 ± 0.033	0.031 ± 0.007	0.08 ± 0.01	0.023 ± 0.002	0.045 ± 0.009	0.548 ± 0.087	0.009 ± 0.003	0.28 ± 0.07

AES: Modelo año-estaque-sexo,  $\sigma_g$ : covarianza genética aditiva,  $\sigma_f$ : covarianza entre efectos comunes,  $r_g$ : correlación genética,  $r_f$ : correlación entre efectos comunes, e.e: error estándar

## **4. Discusión**

### **4.1 Peso corporal**

Las medias de peso corporal a los 130 días fueron distintas en las diferentes densidades. La diferencia en el peso al aumentar la densidad puede ser debida a las diferencias en las condiciones de crecimiento con respecto a la temperatura, salinidad, competencia por alimento y cambio en el pH del agua y manejo (Rosas *et al.*, 2001; Gitterle *et al.*, 2005; Re *et al.*, 2005). Lo anterior genera un cambio en el metabolismo y en la respuesta fisiológica de los animales (Rosas *et al.*, 2002; Wang *et al.*, 2004). Se observó que las hembras fueron más pesadas que los machos (Cuadro 3), lo que concuerda con los hallazgos de Pérez-Rostro e Ibarra (2003b). Este dimorfismo sexual se ha observado también en *Penaeus longistylus* (Dredge, 1990) y *Penaeus monodon* (Hansford y Hewitt, 1994).

El porcentaje de supervivencia de los 70 a los 130 días fue distinto a través de los estanques; resultados de diferentes investigaciones muestran que la supervivencia de este organismo depende de la temperatura (Wyban *et al.*, 1995), la salinidad (Bray *et al.*, 1994), de la interacción temperatura-salinidad (Díaz *et al.*, 2001; Zhang *et al.*, 2006), así como de la presencia de enfermedades y canibalismo (Argue *et al.*, 2002; Gitterle *et al.*, 2005).

### **4.2. Heredabilidad para peso**

La heredabilidad estimada para el peso a los 130 días mediante el análisis univariado multigeneracional ( $0.21 \pm 0.04$ ) y con el modelo bivariado multigeneracional ( $0.22 \pm 0.03$ ) fue esencialmente la misma. Los valores estimados de heredabilidad en este estudio difieren con los encontrados en otros estudios en *P. vannamei*. Argue *et al.*, (2002) obtuvieron valores de heredabilidad de  $0.58 \pm 0.15$ , y Pérez-Rostro e Ibarra (2003 a, b) de  $0.17 \pm 0.06$  y  $0.34 \pm 0.18$ . Por otra parte, Gitterle *et al.*, (2005a, b) estimaron valores de heredabilidad para peso como  $0.21 \pm 0.04$  y  $0.24 \pm 0.05$  a las 23 semanas de edad. Las heredabilidades estimadas en este estudio concuerdan con las estimadas por Castillo-Juárez *et al.*, (2007) quienes lo hicieron en un rango de  $0.24 \pm 0.14$  a  $0.35 \pm 0.18$ , en la misma población de estudio pero con datos de años previos. En un estudio reciente en la misma población, Campos-Montes *et al.*, (2009) estimaron la heredabilidad para peso corporal a los 130 días, mediante un modelo que consideró los

efectos comunes de familia de hermanos como independientes en un rango que varió de  $0.26 \pm 0.04$  a  $0.39 \pm 0.04$ ; y con el modelo que consideró dichos efectos como correlacionados en un rango que varió de  $0.14 \pm 0.06$  a  $0.23 \pm 0.08$ .

#### **4.3 Heredabilidad para supervivencia**

Existen pocos estimados de heredabilidad publicados para supervivencia en el camarón blanco del Pacífico. En este estudio, el valor de heredabilidad para supervivencia de los 70 a 130 días con el análisis univariado multigeneracional fue  $0.027 \pm 0.007$  y con el modelo bivariado multigeneracional fue  $0.031 \pm 0.007$ . Los valores estimados por año fueron pequeños pero significativos (i.e., diferentes de cero). Los resultados de este trabajo coinciden con los reportados por Gitterle *et al.*, (2005b), quienes estimaron la heredabilidad en un rango que varió entre  $0.02 \pm 0.02$  y  $0.12 \pm 0.06$ , con el empleo de modelos que incluyeron los efectos de ambiente común en el *P. vannamei*, mientras que Argue *et al.*, (2001) reportan valores de heredabilidad entre 0.11 y 0.16, en un estudio donde las familias fueron expuestas a altas concentraciones de amonio. Argue *et al.*, (2002) en la misma especie pero creciendo en canales de corriente rápida reportan un valor de heredabilidad para supervivencia de  $0.10 \pm 0.05$ . Kenway *et al.*, (2006) en su estudio con *P. monodon* no incluyeron el efecto de ambiente común y calcularon la heredabilidad en un rango que fluctuó entre  $0.36 \pm 0.18$  y  $0.71 \pm 0.17$ . La heredabilidad para supervivencia estimada en este estudio tiene un valor bajo, que es concordante con la mayoría de los valores estimados en estudios con especies acuícolas. Ødegård *et al.*, (2007) en salmón del Atlántico obtuvo heredabilidades en un rango de  $0.01 \pm 0.001$  a  $0.207 \pm 0.014$ ; mientras que Rye *et al.*, (1990) en esta misma especie estimó la heredabilidad como  $0.08 \pm 0.02$ ; y en trucha arcoíris como  $0.06 \pm 0.03$ . En el tilapia del Nilo, Charo-Karisa *et al.*, (2006) obtuvo valores en un rango de  $0.03 \pm 0.04$  a  $0.14 \pm 0.06$ .

#### **4.4 Efecto común de familia para supervivencia**

En especies acuícolas se da a menudo la existencia de efectos comunes de familia, que suelen estar confundidos además con efectos genéticos no aditivos, y con el efecto materno (genético y ambiental). Por ello deben ser tomados en cuenta de forma conjunta, especialmente cuando existe una relación antagónica entre los mismos

(Gjedrem; 1983). En este estudio los valores de  $f^2$  para supervivencia estuvieron un rango de  $0.004 \pm 0.004$  a  $0.024 \pm 0.002$  y fueron consistentes para los modelos univariado y bivariado a través de los años, así como en el modelo multigeneracional. Estos resultados son similares a los estimados en las dos líneas estudiadas por Gitterle *et al.* (2005a, b), y a los obtenidos por Castillo-Juárez *et al.*, (2007). Esto indica que la inclusión de los efectos de  $f^2$  en los modelos, es importante para obtener valores insesgados de heredabilidad.

#### ***4.5 Correlación genética entre las características de peso y supervivencia***

Las correlaciones genéticas entre peso a los 130 días y supervivencia de los 70 a 130 días de edad para los años 2007 a 2010 fueron todas positivas para ambos modelos en un rango que varió de  $0.33 \pm 0.17$  a  $0.80 \pm 0.14$ . Las correlaciones entre los efectos comunes de ambiente a través de los años entre ambas características fueron positivas, y variaron entre  $0.17 \pm 0.41$  y  $0.380 \pm 0.13$ . Para el análisis multigeneracional la correlación genética entre crecimiento y supervivencia se estimó como  $0.54 \pm 0.08$ , y la de efecto de ambiente común se estimó como  $0.28 \pm 0.07$ . Gitterle *et al.*, (2005b) estimaron valores de correlación genética entre los valores genéticos predichos de peso a la cosecha y supervivencia de 0.40 a 0.42 Sin embargo, Kenway *et al.*, (2006) en *P. monodon* estimaron las correlaciones genéticas entre la tasa de crecimiento y supervivencia familiar en su mayoría positivas, con valores que variaron entre  $0.00 \pm 0.26$  a  $0.46 \pm 0.18$ . En otras especies acuícolas se han realizado estimados de correlación genética entre peso y supervivencia; Jonasson *et al.*, (1992) calcularon la correlación genética en *Salmon salar* como  $0.31 \pm 0.26$ ; en la misma especie Standal y Gjerde, (1987) la estimaron en un rango que varió de 0.17 a 0.20. Perry *et al.*, (2004) en *Salvelinus fontinalis* estimó esta correlación genética como  $0.15 \pm 0.06$ ; y en *Oreochromis niloticus* Rezk *et al.*, (2009) la estimó como  $0.46 \pm 0.20$ . Rye *et al.*, (1990) en *Salmon salar* estimó la correlación genética entre tasa de crecimiento y supervivencia como  $0.37 \pm 0.12$ ; y en *Oncorhynchus mikiss* la estimó como  $0.23 \pm 0.26$ .

## 5. Conclusión

De acuerdo con los valores de heredabilidad estimados en este estudio para las características de peso corporal y supervivencia, y por la importancia económica de ambas características, éstas pueden ser incluidas en un programa de mejoramiento genético como criterios de selección. La inclusión del efecto común de ambiente resultó en estimaciones más precisas de los parámetros genéticos. El signo y la magnitud de la correlación genética entre peso y supervivencia en este estudio indican que al seleccionar para peso, habrá una respuesta correlacionada a la selección positiva para supervivencia. La correlación favorable entre ambas características indica que pueden ser mejoradas simultáneamente y el resultado es un incremento en la producción final de las granjas de engorda.

## 6. Referencias.

1. Argue, B.J., Arce, S.M., Lotz, J.M., Moss, S.M., 2002. Selective breeding of Pacific white shrimp (*Litopenaeus vannamei*) for growth and resistance to Taura Syndrome Virus. *Aquaculture* 204, 447-460.
2. Bagley, M.J., Bentley, B., Gall, G.A.E., 1994. A genetic evaluation of the influence of stocking density on the early growth of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Aquaculture* 121, 313-326.
3. Benzie, J.A.H., 1998. Penaeid genetics and biotechnology. *Aquaculture* 164, 23-47.
4. Benzie, A., H., 2009. Use and exchange of genetic resources of penaeid shrimps for food and aquaculture. *Aquaculture* 1, 232-250.
5. Campos Montes, G, R., 2009. Componentes de (co)varianza para características de crecimiento temprano y a los 130 días de edad en camarón blanco del pacífico *penaeus (litopenaeus) vannamei*. Tesis de grado. Universidad Nacional Autónoma de México. 8 p.
6. Castillo-Juárez, H., Quintana, C.J.C., Campos-Montes, G.R., Cabrera, V.C., Martínez, O.A., Montaldo, H.H., 2007. Heritability for body weight at harvest size in the Pacific white shrimp, (*Penaeus (Litopenaeus) vannamei*), from a multi-environment experiment using univariate and multivariate animal models. *Aquaculture* 273, 42-49.

7. Charo-Karisa, H., Komen, H., Rezk, M., A., Ponzoni, R., W., van Arendonk J., A., M., Bovenhuis, H., 2006. Heritability estimates and response to selection for growth of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) in low-input earthen ponds. *Aquaculture* 261, 479–486
8. Cock, J., Gitterle, T., Salazar, M., Rye, M., 2009. Breeding for disease resistance of Penaeid shrimps. *Aquaculture* 286, 1-11.
9. CONAPESCA-SAGARPA, 2008. Anuario Estadístico de Pesca 2008. SAGARPA, México D.F.
10. De Donato, M., Ramirez, R., Howell, Ch., Verginelli, Orta, T., Cabrera, I., Mata, E., Manrique, R., 2008. Artificial family selection based on growth rate in cultivated lines of *Litopenaeus vannamei* (Decapoda, Penaeidae) from Venezuela. *Genetics and Molecular Biology* 1-7
11. Falconer, D., S., Mackay, T., 1996. Introduction to quantitative genetics, third ed. Longman Scientific & Technical. New York
12. FAO (Food and Agriculture Organization of the United Nations) (2010). The State of World Fisheries and Aquaculture. 2008. <http://www.fao.org/docrep/field/003/ac598s/AC598S02.htm>
13. FIRA (Fideicomisos Instituidos en Relación con la Agricultura)(2009). Situación actual y perspectivas del camarón en México. Boletín Informativo 3,9-122.
14. Gitterle, T., Saltec, R., Gjerde, B., Cock, J., Johansen, H., Salazar, M., Lozano, C., Rye, M., 2005a. Genetic (co)variation in resistance to White Spot Syndrome Virus (WSSV) and harvest weight in *Penaeus (Litopenaeus) vannamei*. *Aquaculture* 246, 139-149.
15. Gitterle, T., Rye, M., Saltec, R., Cock, J., Johansen, H., Lozano, C., Suárez, J., Gjerded, B., 2005b. Genetic (co)variation in harvest body weight and survival in (*Penaeus (Litopenaeus) vannamei*) under standard commercial conditions. *Aquaculture* 243, 83-92.
16. Gjedrem, T., 2010 The first family-based breeding program in aquaculture. *Aquaculture* 2, 2-15.
17. Gjøen, H., M., Refstie, T., Ulla, O., Gjerde, B., 1997) Genetic correlations between survival of Atlantic salmon in challenge and field tests. *Aquaculture* 158, 277–288

18. Hill, W., G., Understanding and using quantitative genetic variation. *Phil. Trans.R. Soc.* 365, 73-85
19. Kenway, M., Macbeth, M., Salmon, M., McPhee, C., Benzie, J., Wilson, K., Knibb, W., 2006. Heritability and genetic correlations of growth and survival in black tiger prawn( *Penaeus monodon*)\_reared in tanks. *Aquaculture* 259, 138-145.
20. Keys, S.J., Crocos, P.J., Burridge, C.Y., Coman, G.J., Davis, G.P., Preston, N.P., 2004. Comparative growth and survival of inbred and outbred *Penaeus japonicus*, reared under controlled environment conditions: indications of inbreeding depression. *Aquaculture* 241, 151–168.
21. Panorama Acuícola [homepage on the Internet] México: Mejoramiento genético del camarón. [http://www.panoramaacuicola.com/articulos\\_y\\_entrevistas/2009/10/30/mejoramiento\\_genetico\\_del\\_camaron.html](http://www.panoramaacuicola.com/articulos_y_entrevistas/2009/10/30/mejoramiento_genetico_del_camaron.html)
22. Pérez-Rostro, C., Ibarra A.M., 2003a. Quantitative genetic parameter estimates for size and growth rate traits in Pacific white shrimp, *Penaeus vannamei* (Boone 1931) when reared indoors. *Aquac. Res.* 34, 543-553.
23. Pérez-Rostro, C., Ibarra, M.A., 2003b. Heritabilities and genetic correlations of size traits at harvest size in sexually dimorphic Pacific white shrimp (*Litopenaeus vannamei*) grown in two environments. *Aquac. Res.* 34, 1079-1085.
24. Perry, G. M. G., Tarte, P., Croisetère, S., Belhumeur, P., Bernatchez, L., 2004. Genetic variance and covariance for 0+ brook charr (*Salvelinus fontinalis*) weight and survival time of furunculosis (*Aeromonas salmonicida*) exposure. *Aquaculture* 235, 263-271.
25. Robison, O., W., Luempert, L. G., 1984. Genetic variation in weight and survival of Brook trout (*Salvelinus fontinalis*). *Aquaculture* 38, 155-170.
26. Trani, Herrera, C.E., 2007. Efectos genético y ambientales en la sobrevivencia del camarón blanco del pacifico *Litopenaeus vannamei* de los 70 a los 130 días de edad. Tesis de grado. Universidad Nacional Autónoma de México. 27-28 p.
27. Van Vleck, Dale, L., Pollak, John,E., Oltenacu, Branford, A., E.,1987. Genetics for the animal sciences. W. H. Freeman and Company. New York.
28. Visscher, P.M., Hill, W., Wray, N., 2008. Heritability in the genomics era - concepts and misconceptions. *Nature Reviews* 9, 255-266

