

PARÂMETROS GENÉTICOS PARA RESISTÊNCIA A *Flavobacterium oreochromis* EM TAMBAQUI (*Colossoma macropomum*)

GENETIC PARAMETERS FOR RESISTANCE TO *Flavobacterium oreochromis* IN TAMBAQUI (*Colossoma macropomum*)

Natalia Giraldo Pérez⁽¹⁾
Carolina de Souza Pereira⁽²⁾
Celma Gomes de Lemos⁽³⁾
John Fredy Gomez Agudelo⁽⁴⁾
Daniel de Abreu Reis Ferreira⁽⁵⁾
Luciana Shiotsuki⁽⁶⁾
Diogo Teruo Hashimoto⁽⁷⁾

Resumo

A aquicultura intensiva favorece a ocorrência de enfermidades infecciosas, consideradas um dos principais entraves para a sustentabilidade da produção aquícola. Entre essas enfermidades, a columnariose tem causado elevadas taxas de mortalidade em tambaqui durante etapas de manejo e transporte. O presente estudo teve como objetivo estimar parâmetros genéticos associados à resistência de juvenis de tambaqui (*Colossoma macropomum*) à infecção bacteriana. Foram avaliados 516 juvenis provenientes de 30 famílias submetidos a desafio experimental por imersão após estresse por transporte simulado. A mortalidade foi monitorada durante sete dias, registrando-se o tempo até a morte. Amostras sanguíneas foram coletadas para genotipagem utilizando painel genômico específico para a espécie. Após controle de qualidade, permaneceram 492 indivíduos e 15.462 marcadores para as análises. As estimativas de herdabilidade foram obtidas utilizando modelos baseados em pedigree e informação genômica. A sobrevivência final observada foi de 32,38%, permitindo discriminação entre famílias resistentes e suscetíveis. Diferenças expressivas entre famílias indicaram variabilidade genética para resistência à bactéria. As estimativas de herdabilidade foram de $0,106 \pm 0,064$ e $0,301 \pm 0,092$ para os modelos baseado em pedigree e genômico, respectivamente. Os resultados demonstram potencial para aplicação da seleção genética e genômica visando aumentar a resistência à columnariose em programas de melhoramento de tambaqui. **Palavras-chave:** Avaliação genética. Genética quantitativa. Herdabilidade. Seleção genômica.

Abstract

*Intensive aquaculture favors the occurrence of infectious diseases, considered one of the main constraints to sustainable fish production. Among these diseases, columnaris disease has caused high mortality rates in tambaqui during handling and transport procedures. This study aimed to estimate genetic parameters associated with resistance of juvenile tambaqui (*Colossoma macropomum*) to bacterial infection. A total of 516 juveniles from 30 families were subjected to experimental immersion challenge following simulated transport stress. Mortality was monitored for seven days, recording time to death. Blood samples were collected for genotyping using a species-specific genomic panel. After quality control, 492 individuals and 15,462 markers remained for the analyses. Heritability estimates were obtained using pedigree-based and genomic-based models. Final survival reached 32.38%, allowing discrimination*

¹Mestranda em Aquicultura pelo CAUNESP/Jaboticabal; ^{2,3}Dotoranda pelo CAUNESP/Jaboticabal; ⁴Pós-doutorando em Aquicultura pelo CAUNESP/Jaboticabal; ⁵Doutor em Microbiologia pela UNESP/FCAV.; ⁶Pesquisadora da Embrapa Pesca e Aquicultura, Palmas-TO; ⁷Pesquisador Centro de Aquicultura da Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal.

between resistant and susceptible families. Marked differences among families indicated genetic variability for bacterial resistance. Heritability estimates were 0.106 ± 0.064 and 0.301 ± 0.092 for pedigree-based and genomic models, respectively. The results demonstrate the potential application of genetic and genomic selection to improve resistance to columnaris disease in tambaqui breeding programs. **Keywords:** Genetic evaluation. Genomic selection. Heritability. Quantitative genetics.

1. Introdução

A aquicultura mundial apresentou crescimento expressivo nas últimas décadas, superando pela primeira vez a pesca extrativa como principal fonte de pescado para consumo humano (FAO, 2024). Entretanto, a intensificação dos sistemas de cultivo favoreceu a ocorrência de enfermidades infecciosas, consideradas atualmente um dos principais gargalos para o desenvolvimento sustentável da piscicultura. Entre essas enfermidades, a columnariose causada por *Flavobacterium oreochromis* tem se destacado devido às elevadas taxas de mortalidade observadas principalmente durante etapas de manejo, transporte e oscilações ambientais (JANAMPA-SARMIENTO et al., 2025).

O tambaqui (*Colossoma macropomum*) representa uma das espécies nativas mais importantes para a aquicultura brasileira devido ao seu rápido crescimento, rusticidade e elevado valor comercial. Contudo, surtos bacterianos vêm causando perdas econômicas significativas em sistemas intensivos de produção. A seleção genética para resistência a doenças vem sendo aplicada com sucesso em diferentes espécies aquícolas, permitindo identificar indivíduos geneticamente superiores e reduzir a susceptibilidade às infecções. Estudos prévios em tambaqui demonstraram variabilidade genética para resistência a *Aeromonas hydrophila* (Ariede et al., 2020), e ao parasito *Ichthyophthirius multifiliis* (LIRA et al., 2020), indicando potencial para inclusão dessas características em programas de melhoramento genético.

Além disso, o desenvolvimento de ferramentas genômicas, como o painel SerraSNP, ampliou a aplicação da seleção genômica em espécies nativas brasileiras (MASTROCHIRICO-FILHO et al., 2021). Dessa forma, o presente estudo teve como objetivo estimar parâmetros genéticos associados à resistência de juvenis de tambaqui à infecção por *F. oreochromis*, utilizando modelos baseados em pedigree e informação genômica.

2. Material e Métodos

Este estudo foi aprovado pelo Comitê de Ética no Uso de Animais (CEUA, número 18323325917/2025) da FCAV - UNESP. O experimento foi conduzido no Laboratório de Genética em Aquicultura e Conservação (LaGeAC) do Centro de Aquicultura da Universidade Estadual Paulista (CAUNESP), em Jaboticabal.

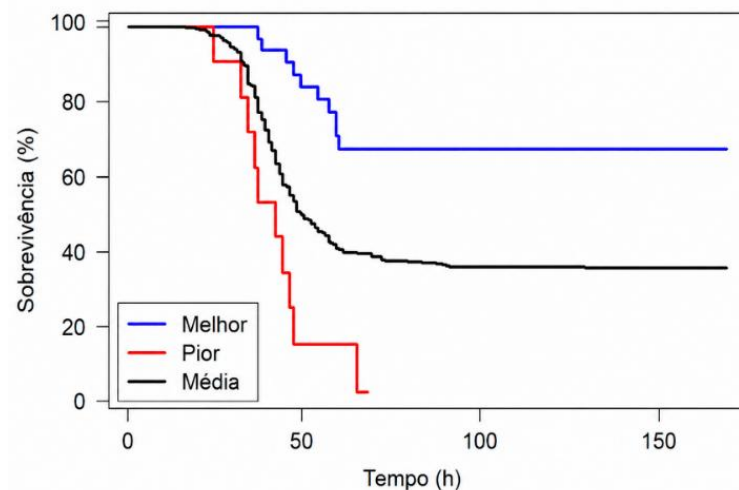
Foram avaliados 516 juvenis de tambaqui provenientes de 30 famílias do núcleo de melhoramento genético da Embrapa Pesca e Aquicultura. Inicialmente, foi realizado um ensaio piloto para definição da concentração bacteriana capaz de promover mortalidade parcial. Os 516 juvenis provenientes de 30 famílias foram então submetidos a desafio experimental por imersão (proporção 1:10) após estresse por transporte simulado (5 h). Após a exposição, os animais foram redistribuídos em cinco caixas de 250 L (104 peixes por caixa), com aeração constante, e monitorados por sete dias quando a mortalidade atingiu o platô.

A variável analisada neste estudo foi o tempo até a morte (TM), registrado em horas após o desafio. Amostras sanguíneas foram coletadas para extração de DNA e genotipagem utilizando o painel Axiom® 30K SerraSNP Array (Thermo Fisher Scientific, Califórnia, EUA), desenvolvido especificamente para tambaqui por Mastrochirico-Filho et al. (2021). O pedigree foi reconstruído a partir de marcadores SNP utilizando o programa CERVUS 3.0. Os componentes de variância e as estimativas de herdabilidade foram obtidos utilizando modelos animais univariados PBLUP e GBLUP implementados na suíte BLUPF90 (MISZTAL et al., 2014).

3. Resultados e Discussão

Os primeiros sinais clínicos de infecção foram observados aproximadamente 10 h após o desafio bacteriano, com pico de mortalidade entre 30 e 50 h. A sobrevivência final foi de 32,38%, evidenciando variação fenotípica adequada para a discriminação entre indivíduos resistentes e suscetíveis (Figura 1), o que é desejável em estudos de seleção genética.

FIGURA 1 – Curvas de sobrevivência de Kaplan-Meier para as famílias com maior, média e menor sobrevivência após desafio com *Flavobacterium oreochromis*.



As análises foram iniciadas com 516 indivíduos e 29.575 SNPs. Após controle de qualidade dos indivíduos ($DQC \geq 0,82$ e taxa de chamada $\geq 90\%$), foram retidos 492 indivíduos. Em seguida, os SNPs foram filtrados com base na taxa de chamada ($\geq 95\%$), frequência alélica menor ($MAF > 0,01$) e equilíbrio de Hardy-Weinberg com correção de Bonferroni ($p < 2,318 \times 10^{-6}$), resultando em 15.462 marcadores. Desses, 12.425 SNPs foram mapeados no mapa genético e 479 SNPs independentes foram obtidos após pruning por desequilíbrio de ligação.

As estimativas de herdabilidade foram de $0,106 \pm 0,064$ (PBLUP) e $0,301 \pm 0,092$ (GBLUP) (Tabela 1). A maior herdabilidade e variância genética aditiva obtidas com o modelo genômico indicam maior capacidade da informação molecular em capturar a variabilidade genética associada à resistência. Resultados semelhantes têm sido relatados em outras espécies aquícolas (MANSO et al., 2024; FRASLIN et al., 2022).

TABELA 1 – Componentes de variância e estimativas de herdabilidade para tempo até a morte após desafio com *Flavobacterium oreochromis*.

Modelo	$h^2 \pm SE$	Variância genética $\pm SE$	Variância residual $\pm SE$
PBLUP	0.106 ± 0.064	241.79 ± 147.23	1996.1 ± 163.00
GBLUP	0.301 ± 0.092	725.09 ± 252.35	1641.1 ± 171.30

Estudos anteriores em espécies nativas também relataram herdabilidades moderadas para resistência a doenças infecciosas. Ariede et al. (2020) observaram potencial de seleção para resistência a *Aeromonas hydrophila* em tambaqui, enquanto Lira et al. (2020) demonstraram variabilidade genética para resistência ao parasito *Ichthyophthirius multifiliis*. De forma consistente, os resultados do presente estudo reforçam a viabilidade da seleção genética para características de resistência sanitária em programas de melhoramento aquícola.

4. Conclusões

Existe variabilidade genética para resistência à *Flavobacterium oreochromis* em juvenis de tambaqui. As estimativas de herdabilidade obtidas indicam potencial para aplicação da seleção genética e genômica visando aumentar a resistência à columnariose. O modelo GBLUP apresentou maior capacidade de capturar a variância genética aditiva em comparação ao PBLUP, demonstrando a importância da incorporação de informações genômicas em programas de melhoramento genético aquícola.

Apoio financeiro

Bolsa de mestrado da CAPES (Código de Financiamento 001) e CNPq (Proc. 405706/2022-7).

Referências

ARIEDE, R. B.; FREITAS, M. V.; AGUDELO, J. F.; BORGES, C. H.; LIRA, L. V.; YOSHIDA, G. M.; HASHIMOTO, D. T. Genetic (co)variation between resistance to *Aeromonas hydrophila* and growth in tambaqui (*Colossoma macropomum*). *Aquaculture*, Amsterdam, v. 523, art. 735225, 2020

FAO. The State of World Fisheries and Aquaculture 2024. Rome: FAO, 2024.

FRASLIN, C.; KOSKINEN, H.; NOUSIANEN, A.; HOUSTON, R. D.; KAUSE, A. Genome-wide association and genomic prediction of resistance to *Flavobacterium columnare* in a farmed rainbow trout population. *Aquaculture*, v. 557, art. 738332, 2022

JANAMPA-SARMIENTO, P. C.; COSTA, H. L.; ROSA, J. C. C.; TAVARES, G. C.; FIGUEIREDO, H. C. P. Identification and phylogenetic analysis of *Flavobacterium spp.* associated with aquaculture fish diseased from Brazil. *Pathogens*, Basel, v. 14, n. 3, art. 219, 2025.

LIRA, L. V. G.; ARIEDE, R. B.; FREITAS, M. V.; MASTROCHIRICO-FILHO, V. A.; AGUDELO, J. F. G.; BARRÍA, A.; YÁÑEZ, J. M.; HASHIMOTO, D. T. Quantitative genetic variation for resistance to the parasite *Ichthyophthirius multifiliis* in the Neotropical fish *Colossoma macropomum*. *Aquaculture Reports*, v. 17, art. 100338, 2020.

MANSO, S. C.; GARCIA, B. F.; MASTROCHIRICO-FILHO, V. A.; PORTO-FORESTI, F.; YÁÑEZ, J. M.; HASHIMOTO, D. T. Genomic predictions for resistance to *Aeromonas hydrophila* in pacu (*Piaractus mesopotamicus*). *Aquaculture*, Amsterdam, v. 582, art. 740553, 2024.

MASTROCHIRICO-FILHO, V. A., ARIEDE, R. B., FREITAS, M. V., BORGES, C. H. S., LIRA, L. V. G., MENDES, N. J., AGUDELO, J. F. G., CÁCERES, P., BERROCAL, M. H. M., SUCERQUIA, G. A. L., PORTO-FORESTI, F., YÁÑEZ, J. M., & HASHIMOTO, D. T. (2021). Development of a multi-species SNP array for serrasalmid fish *Colossoma macropomum* and *Piaractus mesopotamicus*. *Scientific Reports*, 11(1), 19289, 2021.

MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; LOURENCO, D.; AGUILAR, I.; LEGARRA, A.; VITEZICA, Z. Manual for BLUPF90 family of programs. Athens: University of Georgia, 2014.