

# GENOMICA COMPARATIVA DEL VIRUS CAUSANTE DE LA NECROSIS HIPODERMICA HEMATOPOYETICA (IHNV) Y ELEMENTOS ENDÓGENOS VIRALES (EVE) DE PSTDV EN CAMARÓN P. VANNAMEI

Leandro Bajaña Z.

Institución: CENAIM-ESPOL

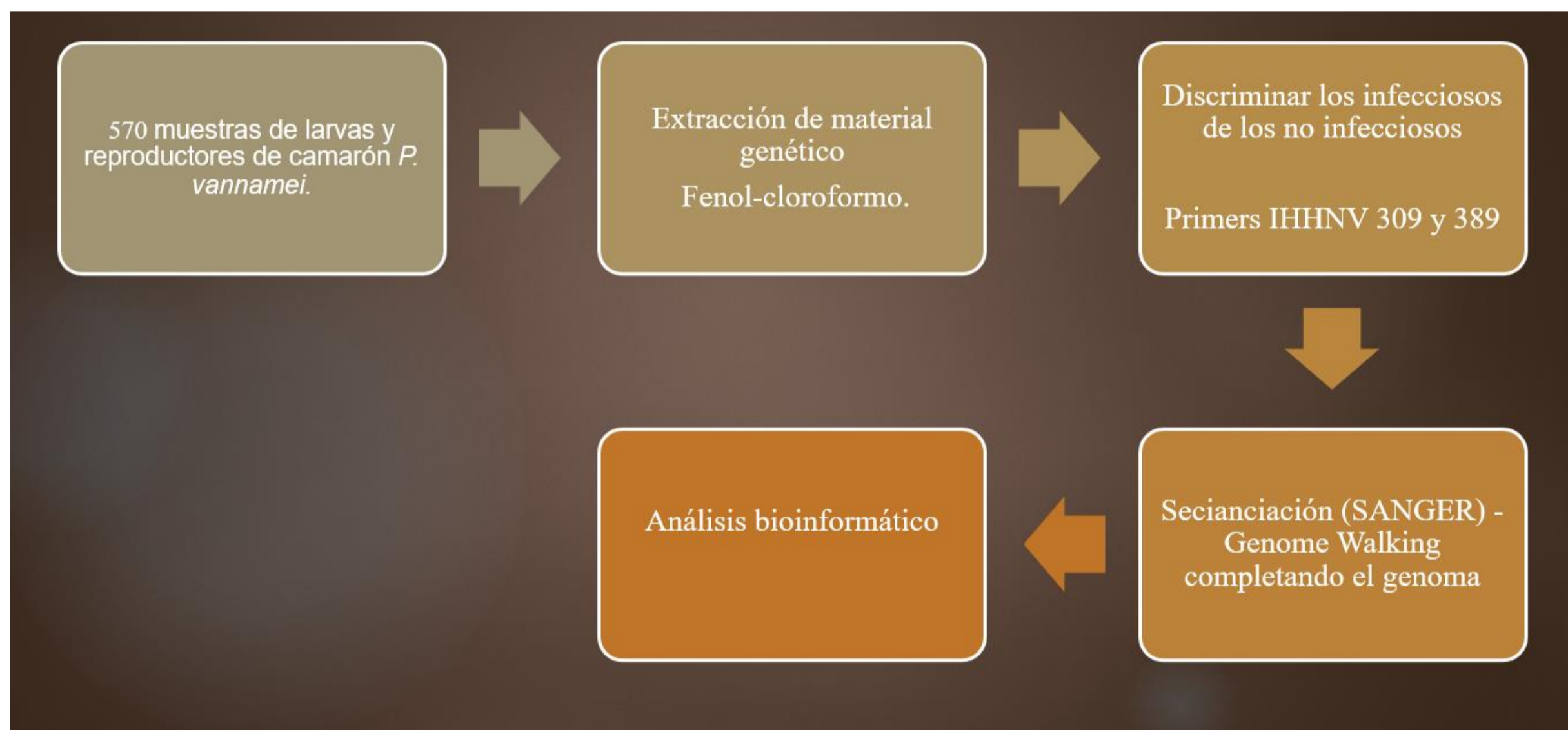
Autor para correspondencia: lsajana@espol.edu.ec

## INTRODUCCIÓN



El camarón de cultivo *Penaeus vannamei* es el primer producto no petrolero de exportación del Ecuador; sin embargo, el cultivo es sensible a patógenos virales. El densovirus *Penaeus stylirostris* (PstDV1), más reconocido como virus de la necrosis infecciosa hipodérmica y hematopoyética (IHNV), es uno de los patógenos de importancia comercial. Aunque IHNV no ocasiona mortalidades en *P. vannamei*, produce deformaciones o enanismo, lo que disminuye su valor comercial. IHNV es uno de los dos virus que presenta elementos virales endógenos (EVE) insertados dentro del genoma de camarón. Los EVEs de IHNV han sido ampliamente reportados para la especie de cultivo *Penaeus monodon*, pero no existe suficientes evidencias para *P. vannamei*, no reportándose hasta el momento iniciadores específicos para la detección de EVEs en *P. vannamei*. Para un adecuado control de IHNV en *P. vannamei* es imperativo determinar la presencia de EVEs, y consecuentemente desarrollar métodos de diagnóstico sensibles que discriminen entre secuencias de IHNV infecciosas y secuencias homólogas a IHNV no infecciosas.

## MATERIALES Y MÉTODOS



Las secuencias ensambladas fueron comparadas con secuencias públicas de IHNV infeccioso y no infeccioso, y con el genoma de *P. vannamei* (ASM378908, taxid 6689).

## CONCLUSIONES

El análisis de los genomas obtenidos permitieron ver una deficiencia en cuanto al uso de los marcadores moleculares para la determinación del virus y el EVE en *P. vannamei* debido a la alta similitud de una parte del genoma del camarón. Los EVE's presentes en los distintos hospedadores de *Penaeus* producen incertidumbre al momento del análisis ya que se está comparando el genoma de especies distintas entre sí, además de que se usan las técnicas de diagnóstico de *P. monodon*, *P. stylirostris* y *P. vannamei* entre sí, provocando interferencias en el estudio de estos EVE's. Este estudio reporta el segundo borrador del genoma de una cepa del IHNV aislada de Ecuador, que será relevante para futuras investigaciones relacionadas con la mejora del diagnóstico y los estudios epidemiológicos de evolución y patogenicidad del virus. Se debe corroborar, evidenciar y/o descubrir el EVE específico en *P. vannamei* a partir de otras metodologías para la detección de elementos endógenos virales.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

De un total de 570 muestras, se determinó que el 23% corresponde a potenciales EVEs.

El genoma de IHNV infeccioso de este estudio presenta alta similitud con las secuencias de IHNV infecciosas de *P. vannamei* cultivados en América.

La secuencia del potencial EVE de IHNV presentó 944 nucleótidos menos que el genoma completo de IHNV infeccioso, con una similitud del 94%, cercano al rango de identidad entre las secuencias infecciosas y no infecciosas para *P. monodon*.

El análisis filogenético de IHNV infeccioso y no infeccioso exhibió a nuestro potencial EVE en un nodo lejano a las secuencias infecciosas de *P. vannamei*, agrupándose con las secuencias correspondientes a muestras no infecciosas de IHNV de tipo A y B, encontradas en *P. monodon*.

Este estudio presentó datos nos concluyentes, lo que conlleva a un distinto planteamiento y forma de abordar el tema. Esto debido a que las investigaciones realizadas hasta el momento parten de un genoma de *P. monodon*, lo que no permite realizar una correcta relación de elementos endógenos virales de dos especies de camarones distintos. Por eso se realizarán más estudios y análisis bioinformáticos para el descubrimiento de EVEs en *P. vannamei*.

n	IHNV	EVE
570	29,34973638%	23,19859402%

Tabla 1. Prevalencia de la enfermedad y falsos positivos.

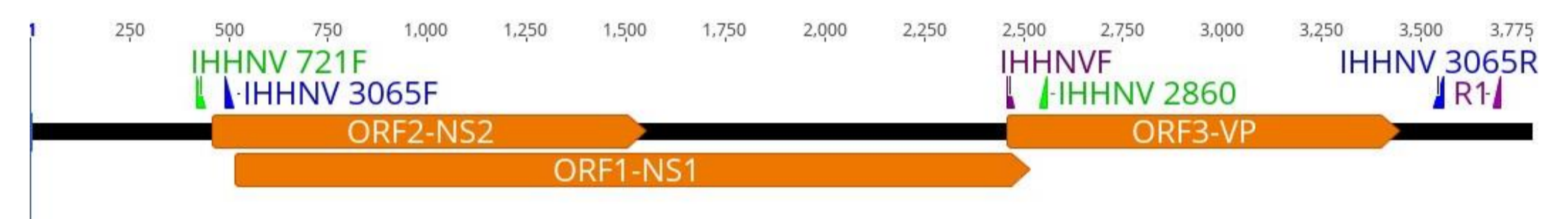


Figura 1. Esquema de los primers utilizados para el Walking Genome a partir del genoma de IHNV de la cepa ecuatoriana (AY362547).

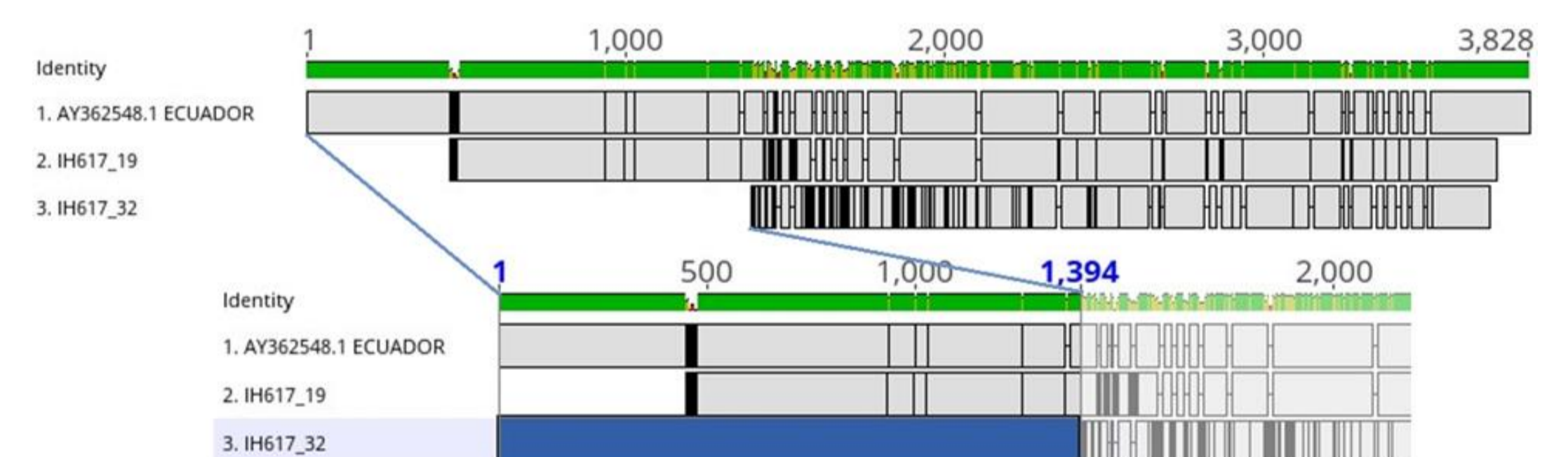


Figura 2. Comparación de los genomas ensamblados IH617\_19 infeccioso, IH617\_32 potencial EVE y el genoma Ecuatoriano reportado.

CODIGO	COVER	PER IDENT	ACCESSION	TYPE	QUERY
GENOME_IH617_32	100%	95.47%	MW357696.1	peru	
	91%	86.87%	AY124937.1	tipo a	
	98%	81.89%	DQ228358.1	tipo b	
GENOME_IH617_19	99%	98.43%	MW357695.1	peru	
	91%	90.61%	AY124937.1	tipo a	
	97%	85.12%	DQ228358.1	tipo b	
Ecuador INF AY362548	79%	92.16%	AY124937.1	tipo a	
	86%	86.41%	DQ228358.1	tipo b	
	58%	98.26%	XM_037923284.1	p monodon	
	34%	98.13%	XM_027351007.1	p vannamei	

Tabla 2. Resultados generales del Blast realizado en NCBI con las secuencias ensambladas del estudio y el genoma reportado en Ecuador.

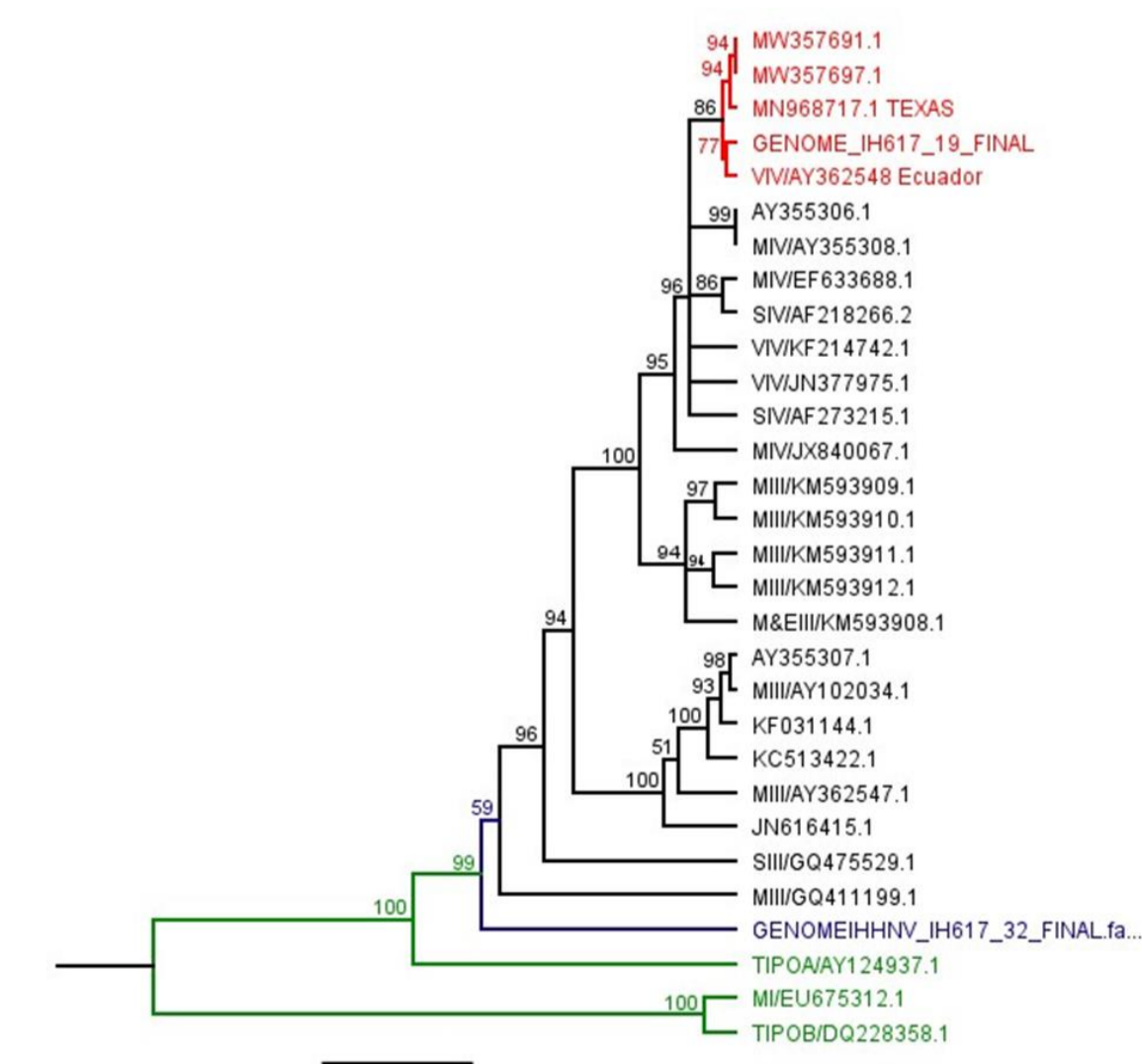


Figura 5. Árbol filogenético de cepas aisladas de distintos hospedadores y el linaje del virus.

## REFERENCIAS

Bayot B, Rodríguez J (2009) Diagnóstico de la producción de camarón de cultivo en las provincias de Guayas, El Oro y Santa Elena (2000-2007) Available online: <http://www.cenaim.espol.edu.ec/publicaciones/quincenal.html> (in Spanish)

Bell, T. A., & Lightner, D. V. (1984). IHNV virus: Infectivity and pathogenicity studies in *Penaeus stylirostris* and *Penaeus vannamei*. *Aquaculture*, 38(3), 185-194. [https://doi.org/10.1016/0044-8486\(84\)90142-X](https://doi.org/10.1016/0044-8486(84)90142-X)

Kim, J. H., Kim, H. K., Nguyen, V. G., Park, B. K., Choresca, C. H., Shin, S. P., ... Park, S. C. (2012). Genomic sequence of infectious hypodermal and hematopoietic necrosis virus (IHNV) KLV-2010-01 originating from the first Korean outbreak in cultured *Litopenaeus vannamei*. *Archives of Virology*, 157(2), 369-373. <https://doi.org/10.1007/s00705-011-1155-0>

Primavera, J. H., & Quintino, E. T. (2000). Runt-Deformity Syndrome in cultured giant tiger prawn *Penaeus monodon*. *Journal of Crustacean Biology*, 20(4), 796-802. [https://doi.org/10.1651/0278-0372\(2000\)020\[0796:rdscig\]2.0.co;2](https://doi.org/10.1651/0278-0372(2000)020[0796:rdscig]2.0.co;2)

Rai, P., Pradeep, B., Safeena, M. P., Karunasagar, I., & Karunasagar, I. (2009). Simultaneous presence of infectious hypodermal and hematopoietic necrosis virus (IHNV) and Type A virus-related sequence in *Penaeus monodon* from India. *Aquaculture*, 295(3-4), 168-174. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2009.07.015>

Rai, P., Safeena, M. P., Karunasagar, I., & Karunasagar, I. (2011). Complete nucleic acid sequence of *Penaeus stylirostris* densovirus (PstDNN) from India. *Virus Research*, 158(1-2), 37-45. <https://doi.org/10.1016/j.virusres.2011.03.005>

Shike, H., Dhar, A. K., Burns, J. C., Shimizu, C., Jousset, F. X., Klimpel, K. R., & Bergoin, M. (2000). Infectious hypodermal and hematopoietic necrosis virus of shrimp is related to mosquito brevidensoviruses. *Virology*, 277(1), 167-177. <https://doi.org/10.1006/viro.2000.0589>

Tang, K. F. J., & Lightner, D. V. (2006). Infectious hypodermal and hematopoietic necrosis virus (IHNV)-related sequences in the genome of the black tiger prawn *Penaeus monodon* from Africa and Australia. *Virus Research*, 118(1-2), 185-191. <https://doi.org/10.1016/j.virusres.2006.01.003>

Tang, K. F. J., Navarro, S. A., & Lightner, D. V. (2007). PCR assay for discriminating between infectious hypodermal and hematopoietic necrosis virus (IHNV) and virus-related sequences in the genome of *Penaeus monodon*. *Diseases of Aquatic Organisms*, 74(2), 165-170. <https://doi.org/10.3354/dao074165>