



**Genética, controle e monitoramento sanitário  
serão elementos chave para o desenvolvimento da  
carcinicultura marinha brasileira.**

Prof. Daniel Lanza  
Depto. Bioquímica - UFRN  
danielclanza@gmail.com

Natal, 14 de novembro de 2019



# Produção de camarão marinho mundial 2003-2016

Principais produtores (Carcinicultura)	2003	2016	Cresc. da Produção (%)
	Produção (T)	Produção (T)	
China	687.628	2.011.692	192,56%
Vietnã	231.717	633.427	173,36%
Indonésia	191.148	623.342	226,10%
Índia	113.240	521.269	360,32%
Equador	77.400	422.000	445,22%
Tailândia	330.726	327.561	-0,96%
México	45.857	127.814	178,72%
Bangladesh	56.503	79.510	40,72%
Filipinas	37.033	61.682	66,56%
<b>Brasil</b>	<b>90.190</b>	<b>52.100</b>	<b>-42,23%</b>
América Central*	85.169	123.649	45,18%
Outros	103.961	196.517	89,03%
<b>Total</b>	<b>2.050.572</b>	<b>5.180.563</b>	<b>152,64%</b>

Fonte: FAO julho 2018

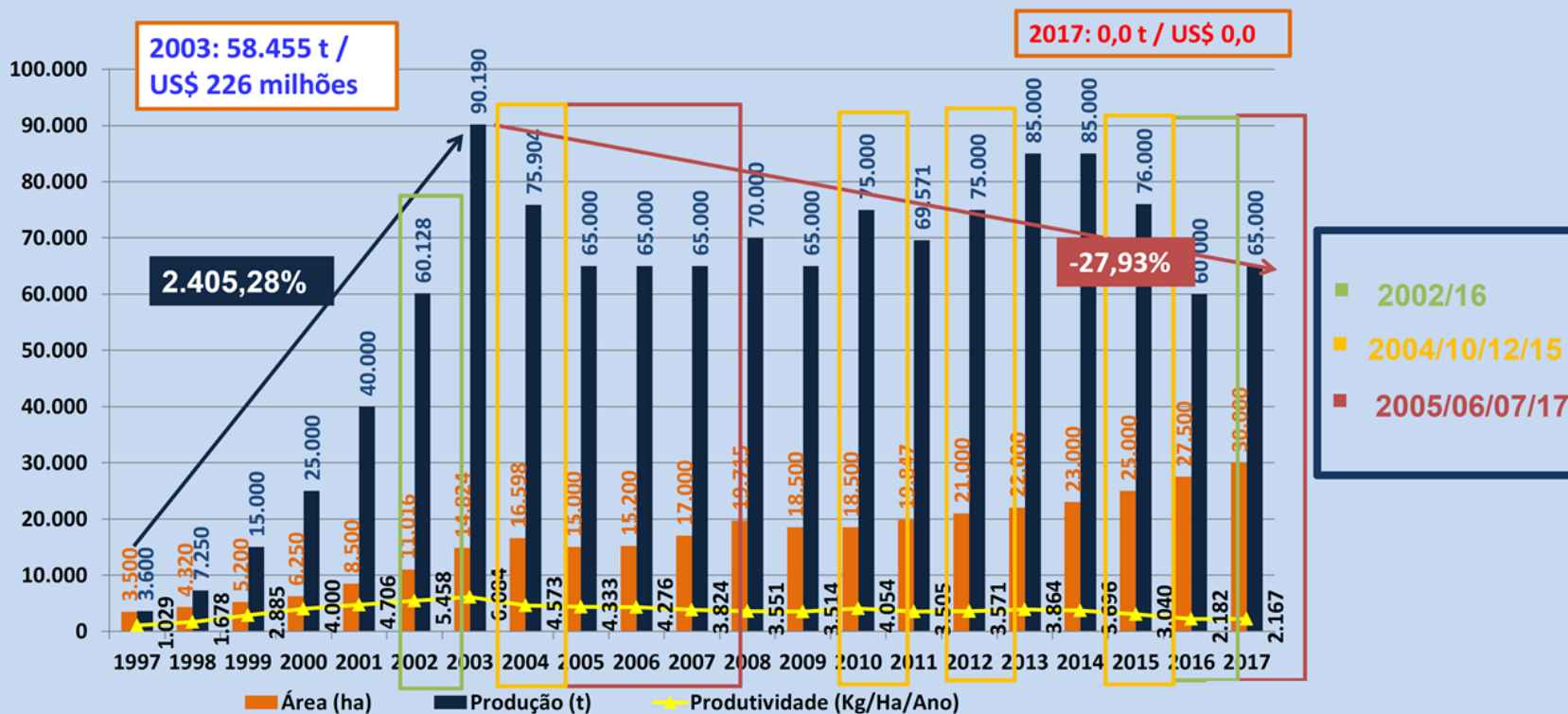


## Artigo

# Análise da Produção Aquícola Mundial e das Oportunidades para o Brasil

Itamar Rocha,  
Engº de Pesca, CREA 7226-D / PE

Perfil do Desempenho da Produção de Camarão Marinho Cultivado do Brasil, com Destaques para os Anos: 2002 / 2016 e 2005, 06, 07, 09 e 2017.





# Por que enquanto a produção mundial de camarão cresce a do Brasil está estagnada?

- Legislação?
  - Políticas?
  - Planejamento?
  - Engajamento do setor?
  - Investimento no que realmente faz a diferença?
- Falta adaptação de algumas tecnologias para a realidade Brasileira.



- Laboratório criado em 2011 na UFRN, com a proposta de realizar pesquisas aplicadas às necessidades regionais e nacionais,
- Se dedica ao estudo de patógenos de importância para carcinicultura,
- Caracterizou os genomas dos principais vírus que acometem a carcinicultura no Brasil (IMNV, IHNV, WSSV),
- Desenvolve sistemas para detecção de patógenos com eficiência e a baixo custo.

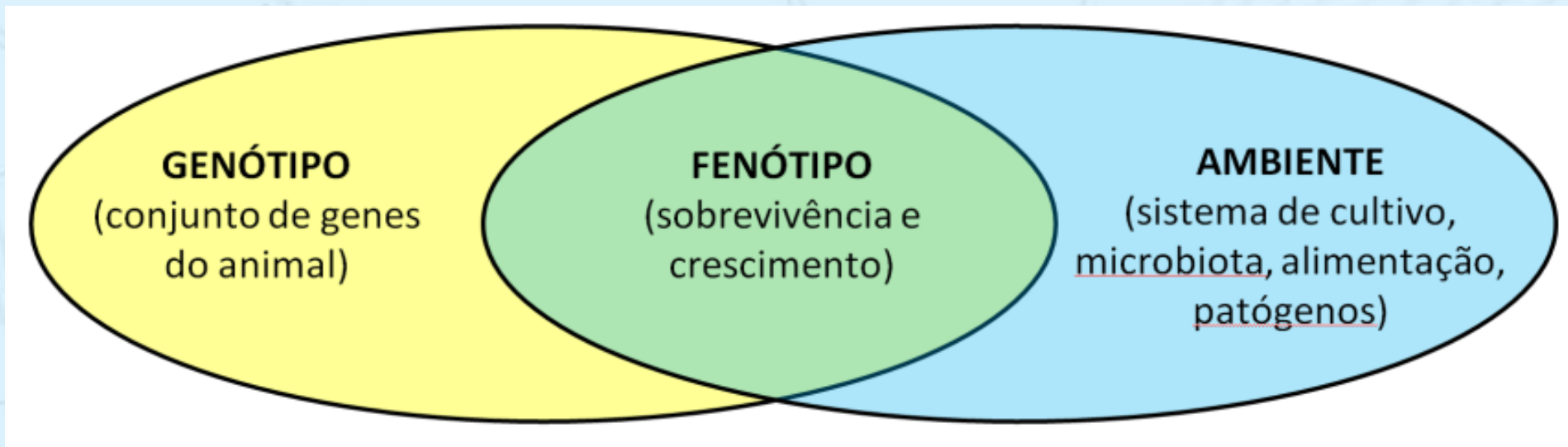


## Melhoramento genético

- Processo que tem como objetivo aumentar a frequência de genótipos que produzam as melhores características fenotípicas em um dado ambiente, por meio da seleção dos animais.
- O fenótipo é determinado pela relação entre o genótipo e o ambiente.



# Esquema da relação entre genótipo, fenótipo e ambiente.

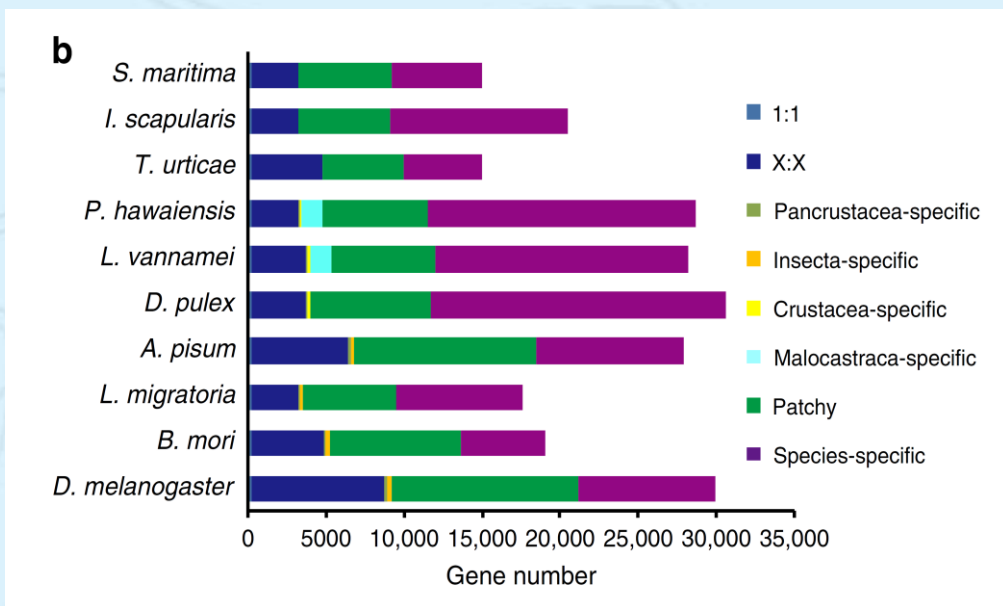


→ Para monitorar é preciso medir/identificar de forma eficiente e economicamente viável.

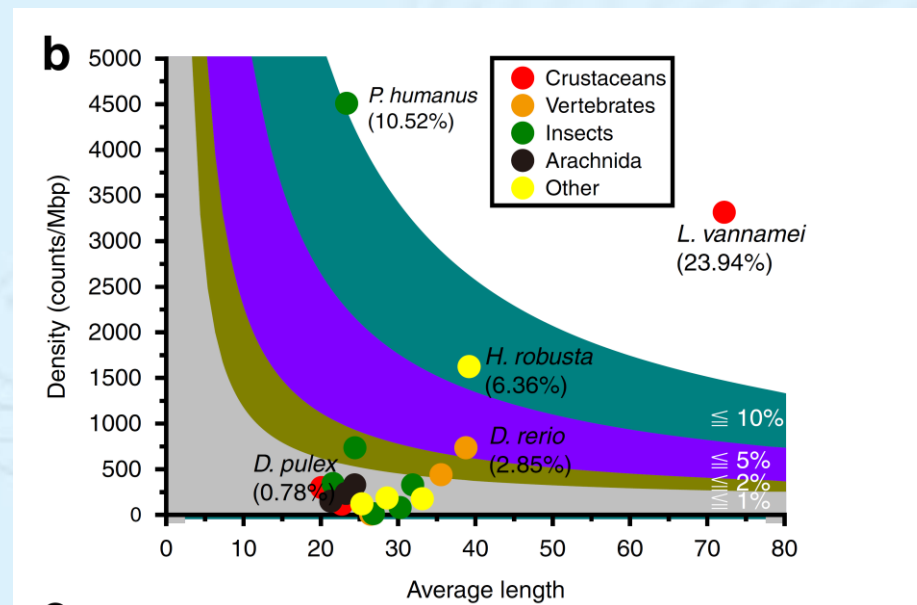


# Identificação do genótipo

→ O genoma da espécie *Penaeus vannamei* foi publicado esse ano!



→ Grande proporção de genes específicos no genoma.



→ Contém a maior proporção de sequências repetitivas dentre todos os genomas animais já sequenciados.





# Monitoramento do genótipo

- Marcação dos animais (anilha, elastômero, separação em locais diferentes),
- Microssatélites (sequenciamento capilar),
- SNP chip,
- Sequenciamento de nova geração (GT-seq)



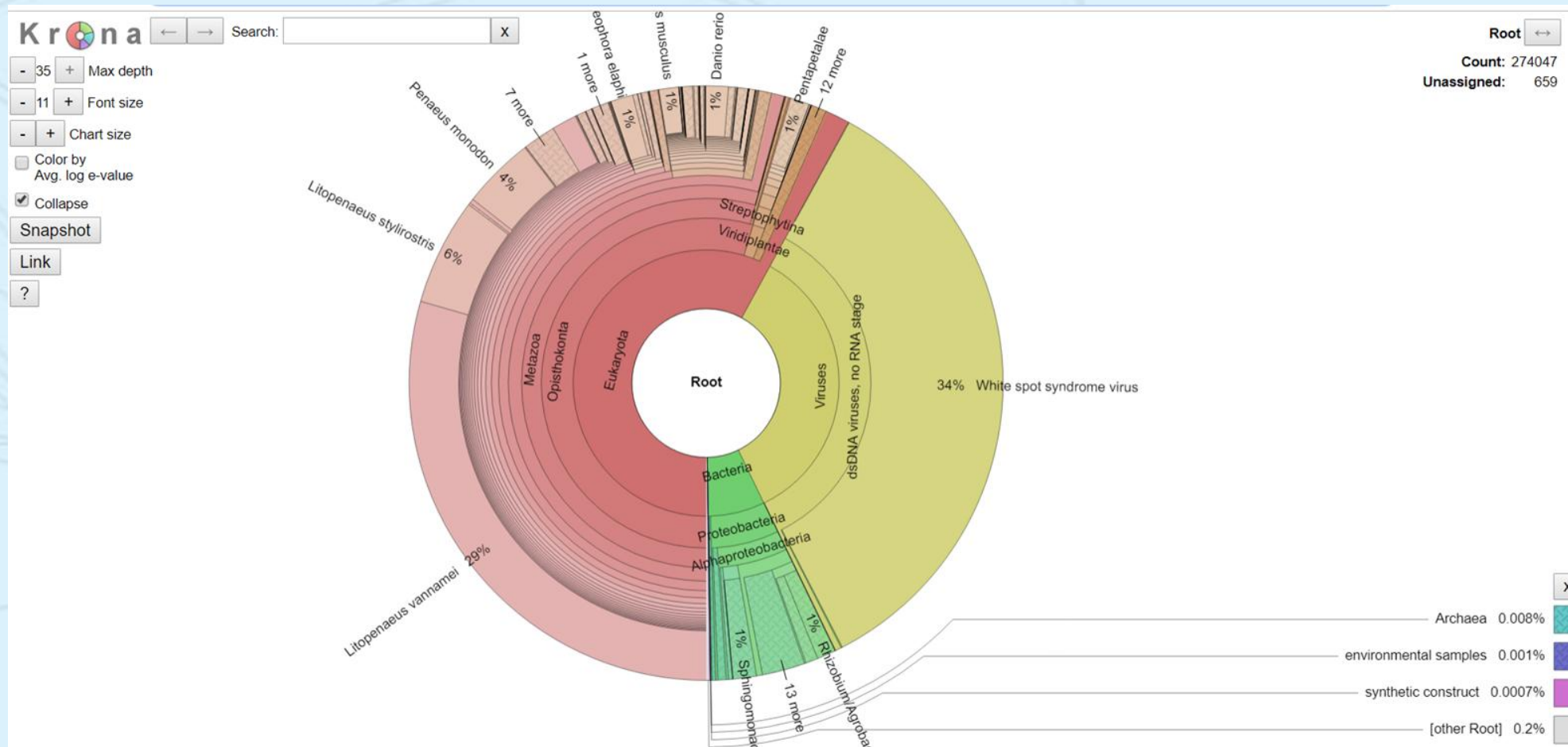
## Identificação/medição do fenótipo

- Dados zootécnicos (sobrevivência, crescimento, conversão alimentar, aspectos clínicos, produtividade).
- Muito importante a regularidade no monitoramento e a criação de um banco com os dados coletados.



# Identificação/medição do ambiente

→ Metagenoma de uma amostra de músculo de um camarão infectado pelo WSSV.



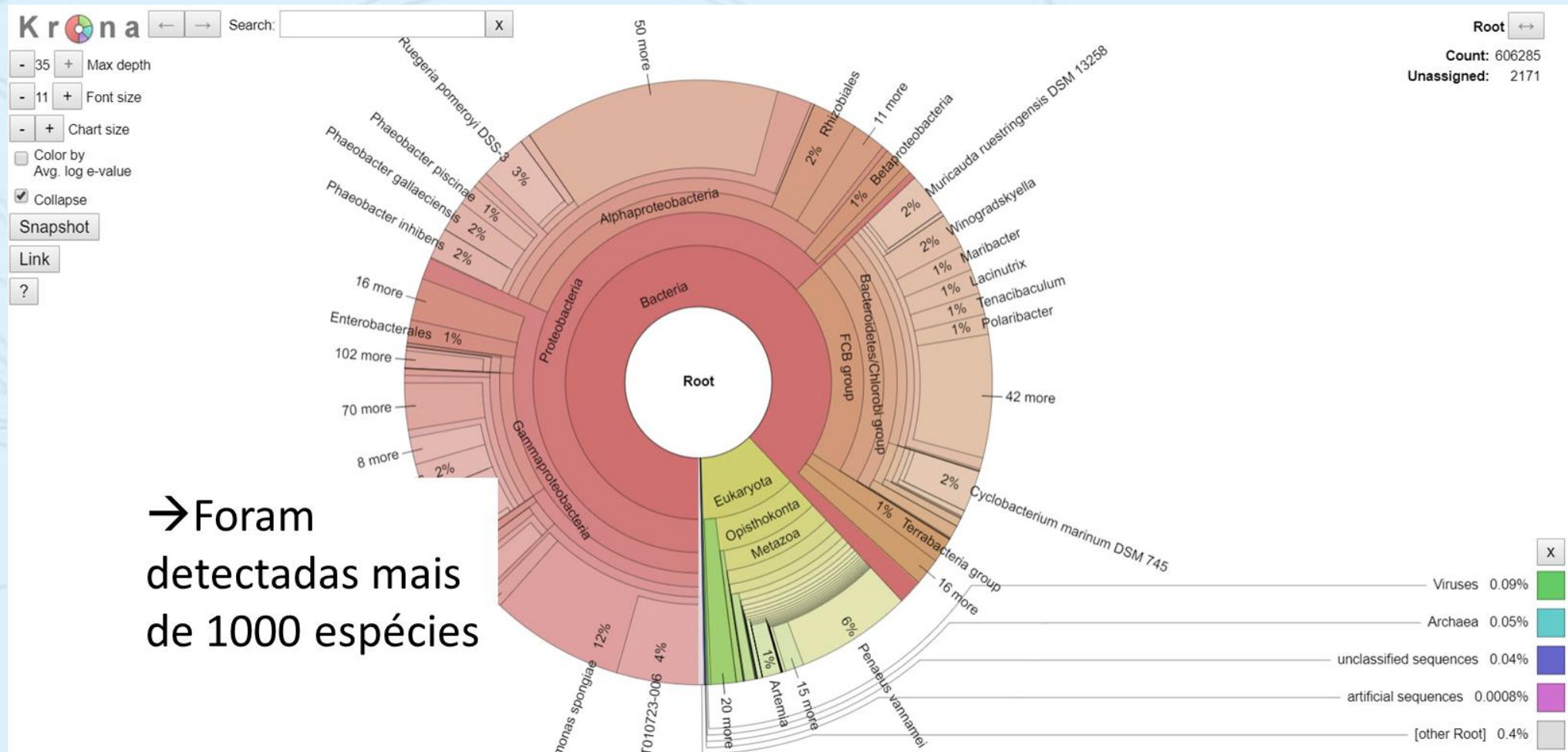
Soares et al, 2019

<https://repositorio.ufrn.br/jspui/handle/123456789/27709>



# Identificação/medição do ambiente

→ Metagenoma de uma amostra de músculo de um camarão infectado pelo WSSV.



→ Foram detectadas mais de 1000 espécies



# Identificação/medição do ambiente

→ Ainda temos poucas espécies de vírus e poucas variantes virais na região nordeste do Brasil.

Journal of Invertebrate Pathology 162 (2019) 55–63

Contents lists available at ScienceDirect

 **Journal of Invertebrate Pathology**

journal homepage: [www.elsevier.com/locate/jip](http://www.elsevier.com/locate/jip)

Alternative PCR primers for genotyping of Brazilian WSSV isolates

Jéssica M.P. Pereira<sup>a,c</sup>, Emília N.V. de Souza<sup>a,b</sup>, Jéssica R.B. Candido<sup>a,b</sup>, Márcia D.A. Dantas<sup>a,c</sup>, Allan R.D. Nunes<sup>a,c</sup>, Karina Ribeiro<sup>b</sup>, Dárlcio I.A. Teixeira<sup>b</sup>, Daniel C.F. Lanza<sup>a,c,\*</sup>


<sup>a</sup> Laboratório de Biologia Molecular Aplicada – LAPLIC, Universidade Federal do Rio Grande do Norte, Natal, RN, Brazil  
<sup>b</sup> Escola Agrícola de Jundiaí, Universidade Federal do Rio Grande do Norte, Macaíba, RN, Brazil  
<sup>c</sup> Programa de Pós-Graduação em Bioquímica, Universidade Federal do Rio Grande do Norte, Natal, RN, Brazil



Macêdo Mendes et al. *BMC Structural Biology* (2019) 19:8  
<https://doi.org/10.1186/s12900-019-0106-y>

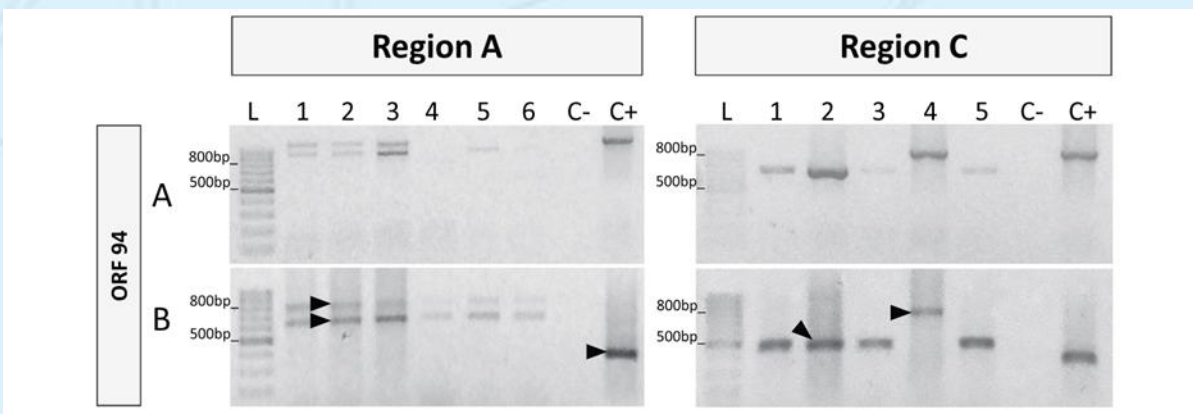
BMC Structural Biology

**RESEARCH ARTICLE** **Open Access**



Characterization of putative proteins encoded by variable ORFs in white spot syndrome virus genome

Cayro de Macêdo Mendes<sup>1,2</sup>, Diego Gomes Teixeira<sup>3</sup>, João Paulo Matos Santos Lima<sup>2,3</sup> and Daniel Carlos Ferreira Lanza<sup>1,2,3\*</sup>



→ Detectamos diferenças entre as variantes do WSSV em apenas 1 dentre os 5 marcadores testados, o que indica baixa diversidade genética.



# Identificação/medição do ambiente

Virus Research 245 (2018) 52–61

Contents lists available at ScienceDirect

**Virus Research**

journal homepage: [www.elsevier.com/locate/virusres](http://www.elsevier.com/locate/virusres)

Short communication

**Direct sequencing of the white spot syndrome virus from Brazil: Genome assembly and new insights on phylogeny**

Márcia Danielle A. Dantas<sup>a,b</sup>, Diego G. Teixeira<sup>b</sup>, Rita Cássia B. Silva-Portela<sup>d</sup>, Paulo Eduardo T. Soares<sup>a,c</sup>, João Paulo M.S. Lima<sup>b,c</sup>, Lucymara F. Agnez-Lima<sup>b,c,d</sup>, Daniel Carlos F. Lanza<sup>a,b,c,\*</sup>

<sup>a</sup> Applied Molecular Biology Lab – LAPLIC, Department of Biochemistry, Federal University of Rio Grande do Norte, Natal, RN, Brazil  
<sup>b</sup> Postgraduate Program in Biochemistry, Federal University of Rio Grande do Norte, Natal, RN, Brazil  
<sup>c</sup> Postgraduate Program in Bioinformatics, Federal University of Rio Grande do Norte, Natal, RN, Brazil  
<sup>d</sup> Laboratory of Molecular Biology and Genomics, Department of Cellular Biology and Genetics, Federal University of Rio Grande do Norte, Natal, RN, Brazil

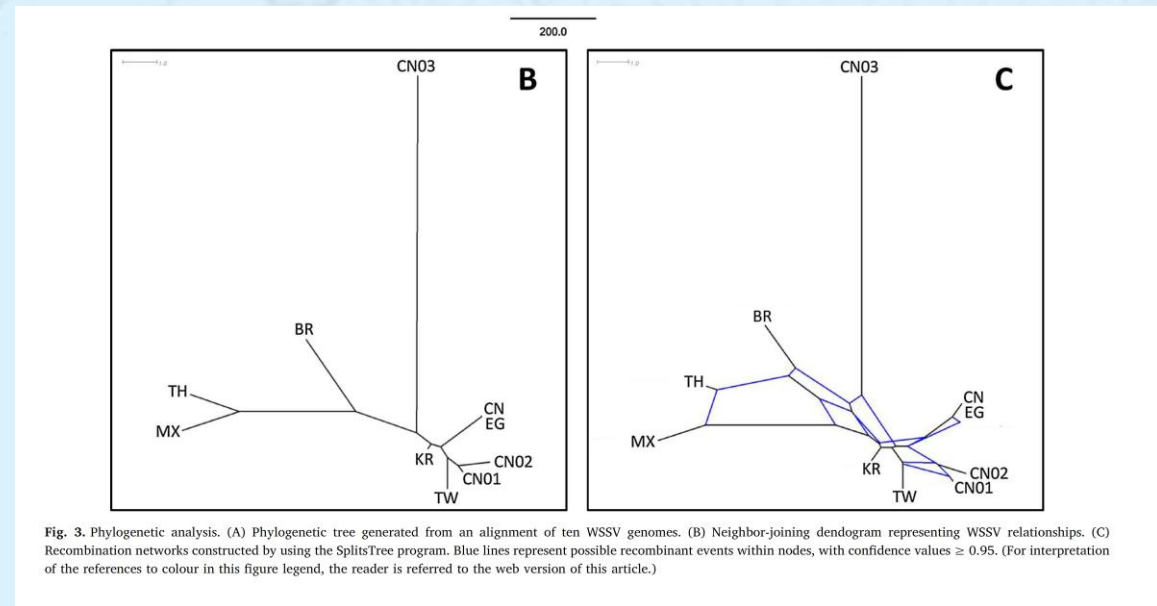
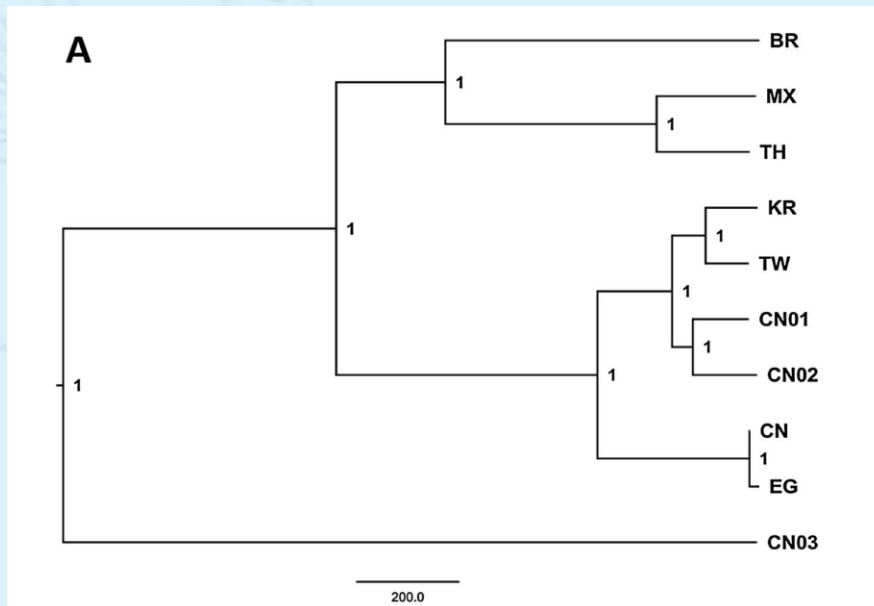


Fig. 3. Phylogenetic analysis. (A) Phylogenetic tree generated from an alignment of ten WSSV genomes. (B) Neighbor-joining dendrogram representing WSSV relationships. (C) Recombination networks constructed by using the SplitsTree program. Blue lines represent possible recombinant events within nodes, with confidence values  $\geq 0.95$ . (For interpretation of the references to colour in this figure legend, the reader is referred to the web version of this article.)



# Identificação/medição do ambiente

Aquaculture 502 (2019) 391–399



Contents lists available at ScienceDirect

Aquaculture

journal homepage: [www.elsevier.com/locate/aquaculture](http://www.elsevier.com/locate/aquaculture)



Addition of commercial probiotic in a biofloc shrimp farm of *Litopenaeus vannamei* during the nursery phase: Effect on bacterial diversity using massive sequencing 16S rRNA

José Alberto Huerta-Rábago<sup>a,b</sup>, Marcel Martínez-Porchas<sup>c</sup>, Anselmo Miranda-Baeza<sup>a,\*</sup>, Mario Nieves-Soto<sup>d</sup>, Martha Elisa Rivas-Vega<sup>a</sup>, Luis Rafael Martínez-Córdova<sup>e</sup>

<sup>a</sup> Universidad Estatal de Sonora (UES), Navojoa, Sonora 85875, Mexico

<sup>b</sup> Maestría en Sistemas de producción biosustentables, Universidad Estatal de Sonora (UES), Navojoa, Sonora 85875, Mexico

<sup>c</sup> Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo, A.C. (CIAD), Hermosillo, Sonora 83304, Mexico

<sup>d</sup> Universidad Autónoma de Sinaloa (UAS), Mazatlán, Sinaloa 80000, Mexico

<sup>e</sup> DICTUS, Universidad de Sonora, Hermosillo, Sonora 83000, Mexico



Fish and Shellfish Immunology 84 (2019) 130–137



Contents lists available at ScienceDirect

Fish and Shellfish Immunology

journal homepage: [www.elsevier.com/locate/fsi](http://www.elsevier.com/locate/fsi)



Full length article

White spot syndrome virus (WSSV) infection impacts intestinal microbiota composition and function in *Litopenaeus vannamei*

Jun Wang<sup>a,b</sup>, Youjia Huang<sup>a,b</sup>, Kaihang Xu<sup>a,b</sup>, Xiaoyong Zhang<sup>a,b</sup>, Hongyan Sun<sup>a,b</sup>, Lanfen Fan<sup>a,b,\*\*</sup>, Muting Yan<sup>a,b,\*</sup>

<sup>a</sup> College of Marine Sciences, South China Agricultural University, Guangzhou, PR China

<sup>b</sup> Joint Laboratory of Guangdong Province and Hong Kong Region on Marine Bioresource Conservation and Exploitation, South China Agricultural University, Guangzhou, PR China



## SCIENTIFIC REPORTS

OPEN

**Microbiome of Pacific Whiteleg shrimp reveals differential bacterial community composition between Wild, Aquacultured and AHPND/EMS outbreak conditions**

Received: 6 April 2017

Accepted: 30 August 2017

Published online: 18 September 2017

Fernanda Cornejo-Granados<sup>1</sup>, Alonso A. Lopez-Zavala<sup>2</sup>, Luigui Gallardo-Becerra<sup>1</sup>, Alfredo Mendoza-Vargas<sup>3</sup>, Filiberto Sánchez<sup>2</sup>, Rodrigo Vichido<sup>4</sup>, Luis G. Briebe<sup>5</sup>, Maria Teresa Viana<sup>6</sup>, Rogerio R. Sotelo-Mundo<sup>7</sup> & Adrián Ochoa-Leyva<sup>1</sup>

Article

**Exploring the Impact of the Biofloc Rearing System and an Oral WSSV Challenge on the Intestinal Bacteriome of *Litopenaeus vannamei***

Mariana R. Pilotto<sup>1</sup>, André N. A. Goncalves<sup>1</sup>, Felipe N. Vieira<sup>2</sup>, Walter Q. Seifert<sup>2</sup>, Evelyn Bachère<sup>3</sup>, Rafael D. Rosa<sup>1</sup> and Luciane M. Perazzolo<sup>1,\*</sup>

<sup>1</sup> Laboratory of Immunology Applied to Aquaculture, Department of Cell Biology, Embryology and Genetics, Federal University of Santa Catarina, 88040-900 Florianópolis, SC, Brazil; maryrp@gmail.com (M.R.P.); anicolau85@gmail.com (A.N.A.G.); rafael.d.rosa@ufsc.br (R.D.R.)

<sup>2</sup> Laboratory of Marine Shrimp, Department of Aquaculture, Federal University of Santa Catarina, 88040-900 Florianópolis, SC, Brazil; felipe.vieira@ufsc.br (F.N.V.); walter.seiffert@ufsc.br (W.Q.S.)

<sup>3</sup> Ifremer, UMR 5244, IHPE Interactions-Hosts-Pathogens-Environment, UPVD, CNRS, Université de Montpellier, 34095 Montpellier, France; ebachere@ifremer.fr

\* Correspondence: L.m.perazzolo@ufsc.br; Tel.: +55-48 3721-4196; Fax: +55-48-3721-5528



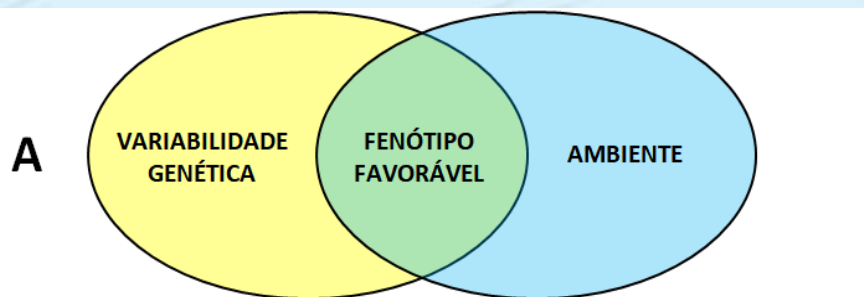
## Diagnóstico

- O controle e monitoramento ambientais são os maiores desafios técnicos enfrentados pela carcinicultura.
- O processo de melhoramento genético deve considerar as variações do ambiente, ou seja, as condições locais e de alimentação dos animais.

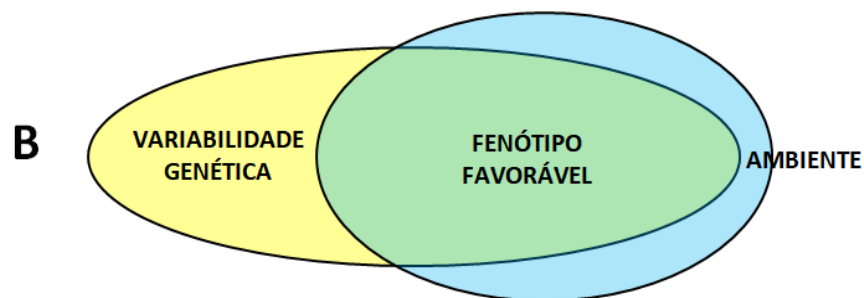




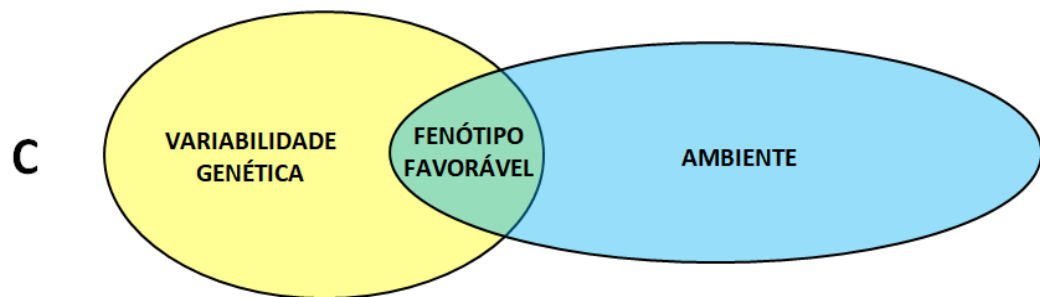
# Relação entre a variabilidade genética e a variação ambiental para produção de fenótipos favoráveis.



Variação ambiental e a variabilidade genética são mantidas dentro de condições aceitáveis para produção.



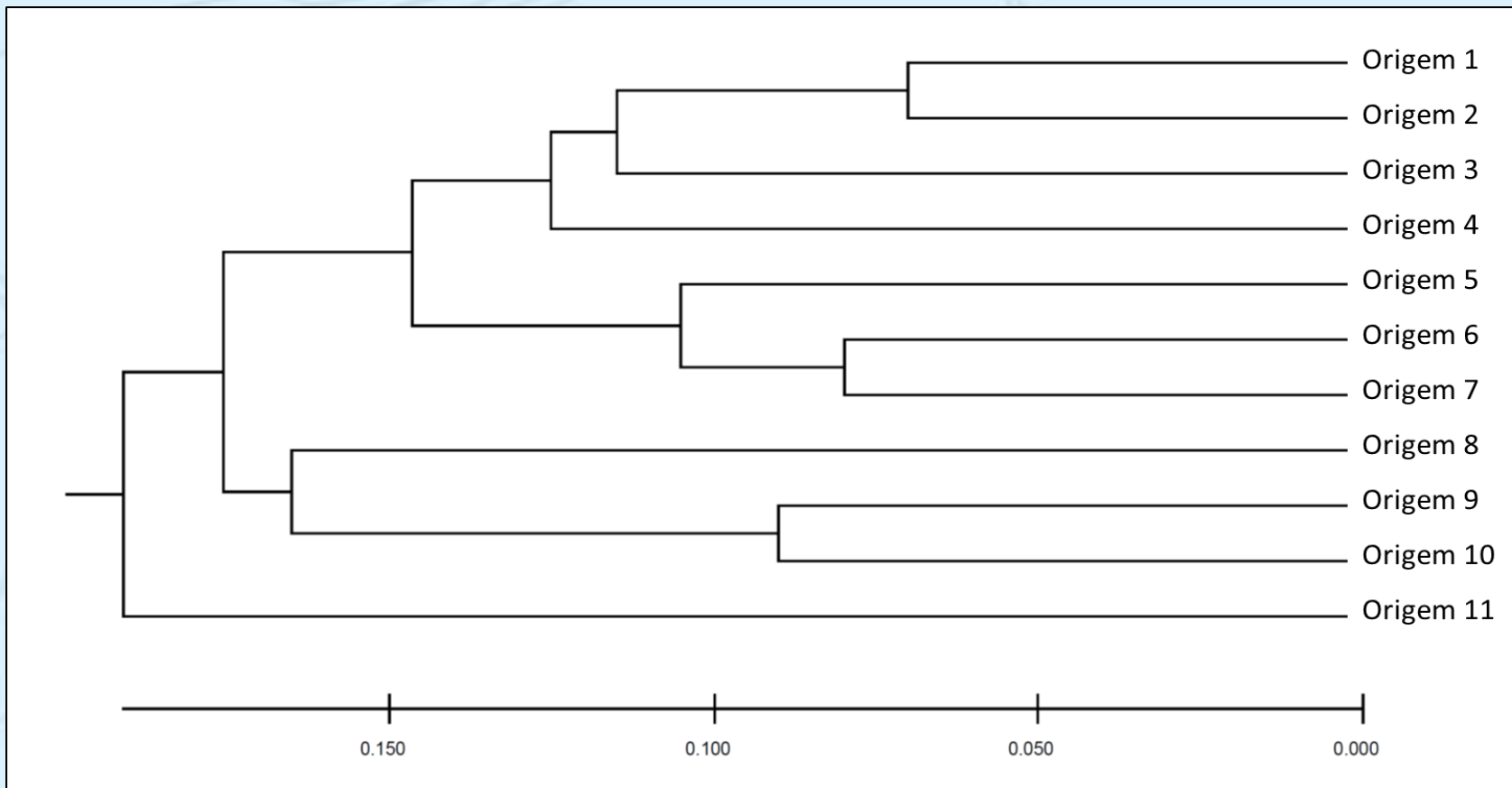
Variação ambiental não aumentou e a variabilidade genética foi incrementada.



Variação ambiental aumentou e a variabilidade genética foi mantida.



# Temos variabilidade genética no Brasil?



→ Sim, por enquanto temos variabilidade suficiente no Brasil para condução de programas de melhoramento genético.



# Elementos chave para a carcinicultura brasileira “decolar”

- (1) Programas de melhoramento genético sólidos,
- (2) Aporte de variabilidade genética,
- (3) Identificação, monitoramento e controle dos patógenos existentes no ambiente,
- (4) Controle da entrada de novos patógenos.



Obrigado  
danielclanza@gmail.com

