

RESUMEN

El Centro de Investigaciones Acuícolas CENIAC – Papallacta busca implementar un programa de mejoramiento genético para aumentar la eficiencia de los sistemas productivos, beneficiando directamente a los pequeños y medianos piscicultores de la región andina. El objetivo de este estudio fue evaluar la variabilidad genética de la población actual de reproductores mediante el uso de marcadores microsatélites y seleccionar familias F1 de Trucha Arco Iris con parámetros morfométricos y productivos superiores. En base al número promedio de alelos efectivos por loci (13), a la heterocigosidad esperada (0.877) y al contenido de información polimórfica (0.866) se determinó que la población actual de reproductores del CENIAC tiene variabilidad genética. Se encontraron desviaciones significativas del Equilibrio de Hardy – Weinberg que indicaron una disminución de heterocigotos ($F_{is}=0.051$) debido a altas intensidades de selección. La presencia de variabilidad genética de la población permitió la selección de un grupo de reproductores en base al índice de condición corporal (ICC: 1.01 a 1.45) y al estado óptimo de maduración sexual, estableciéndose 17 grupos de cruzamiento para la obtención de 50 familias F1. Las familias fueron evaluadas mediante registros de genealogía desde la incubación hasta la finalización de la fase de alevinaje (180 días) y se seleccionaron a 18 familias F1 que mostraron valores promedio superiores para el ICC (1.29), peso (12.56 g) y longitud (9.89 cm). En conclusión, la selección de familias debe ser complementada mediante el uso de marcadores de polimorfismo de nucleótidos simples (SNPs) y morfometría digital para el rastreo de características de interés comercial.

PALABRAS CLAVE

- **TRUCHA ARCO IRIS**
- **MEJORAMIENTO GENÉTICO**
- **MARCADORES MOLECULARES**
- **VARIABILIDAD GENÉTICA**
- **SELECCIÓN FAMILIAR**

ABSTRACT

The Center for Aquaculture Research CENIAC - Papallacta seeks to implement a breeding program to increase the efficiency of production systems, directly benefiting small and medium-sized fish farmers in Ecuador. The objective of this study was to evaluate the genetic variability of the breeding population by using microsatellite markers and select F1 families of rainbow trout with superior morphometric and productive parameters. Based on the average number of effective alleles per loci (13), the expected heterozygosity (0.877) and the polymorphic information content (0.866), it was determined that the breeding population of CENIAC has genetic variability. Significant deviations from the Hardy - Weinberg equilibrium were found that indicated a decrease in heterozygotes ($F_{is} = 0.051$), caused by high intensities of selection. The presence of genetic variability of the population allowed the selection of a group of breeders based on the Index Body Condition (ICC: 1.01 to 1.45) and the optimal state of sexual maturation, establishing 17 crossing groups to obtain 50 F1 families. The families were evaluated through genealogy records from incubation until the end of the nursery phase (180 days) and 18 families of rainbow trout were selected that showed higher average values for the ICC (1.29%), weight (12.56). g) and length (9.89 cm). In conclusion, the selection of families should be complemented by the use of simple nucleotide polymorphism markers (SNPs) and digital morphometry for tracing characteristics of commercial interest.

KEYWORDS

- **RAINBOW TROUT**
- **GENETIC IMPROVEMENT**
- **MOLECULAR MARKERS**
- **GENETIC VARIABILITY**
- **FAMILY SELECTION**