



ESPE

UNIVERSIDAD DE LAS FUERZAS ARMADAS
INNOVACIÓN PARA LA EXCELENCIA

DEPARTAMENTO DE CIENCIAS DE LA VIDA Y DE LA AGRICULTURA

CARRERA DE INGENIERÍA AGROPECUARIA

TRABAJO DE TITULACIÓN, PREVIO A LA OBTENCIÓN DEL TÍTULO DE INGENIERO AGROPECUARIO

**TEMA: IMPLEMENTACIÓN DE TECNOLOGÍAS DE RASTREO
DIGITAL PARA LA SELECCIÓN INTRAFAMILIAR DE INDIVIDUOS DE
TRUCHA ARCO IRIS (*Oncorhynchus mykiss*) PARA LA FORMACIÓN DE
LA POBLACIÓN BASE DEL NÚCLEO GENÉTICO ESPE-PAILONES Y
PAPALLACTA**

AUTOR: TUSA TUSA, JOSÉ DAVID

DIRECTOR: DR. RUEDA ORTIZ, DARWIN ARTURO

SANGOLQUÍ

2019



ESPE

UNIVERSIDAD DE LAS FUERZAS ARMADAS
INNOVACIÓN PARA LA EXCELENCIA

DEPARTAMENTO DE CIENCIAS DE LA VIDA Y DE LA AGRICULTURA
CARRERA DE INGENIERÍA AGROPECUARIA

CERTIFICACIÓN

Certifico que el trabajo de titulación, "*IMPLEMENTACIÓN DE TECNOLOGÍAS DE RASTREO DIGITAL PARA LA SELECCIÓN INTRAFAMILIAR DE INDIVIDUOS DE TRUCHA ARCO IRIS (Oncorhynchus mykiss) PARA LA FORMACIÓN DE LA POBLACIÓN BASE DEL NÚCLEO GENÉTICO ESPE-PAILONES Y PAPALLACTA*" fue realizado por el señor *Tusa Tusa, José David* el mismo que ha sido revisado en su totalidad, analizado por la herramienta de verificación de similitud de contenido; por lo tanto cumple con los requisitos teóricos, científicos, metodológicos y legales establecidos por la Universidad de las Fuerzas Armadas ESPE, razón por la cual me permito acreditar y autorizar para que lo sustente públicamente.

Sangolquí, 21 de Enero del 2019

Una firma manuscrita en tinta azul que parece decir 'Darwin A. Rueda Ortiz', escrita sobre una línea punteada.

Dr. Darwin Arturo Rueda Ortiz

C.I: 040068872-7



ESPE
UNIVERSIDAD DE LAS FUERZAS ARMADAS
INNOVACIÓN PARA LA EXCELENCIA

DEPARTAMENTO DE CIENCIAS DE LA VIDA Y LA AGRICULTURA
CARRERA DE INGENIERÍA AGROPECUARIA

AUTORÍA DE RESPONSABILIDAD

Yo, *Tusa Tusa, José David*, declaro que el contenido, ideas y criterios del trabajo de titulación: *Implementación de tecnologías de rastreo digital para la selección intrafamiliar de individuos de trucha arco iris (Oncorhynchus mykiss) para la formación de la población base del núcleo genético ESPE-Pailones y Papallacta*, es de mi autoría y responsabilidad, cumpliendo con los requisitos teóricos, científicos, técnicos, metodológicos y legales establecidos por la Universidad de las Fuerzas Armadas ESPE, respetando los derechos intelectuales de terceros y referenciando las citas bibliográficas.

Consecuentemente el contenido de la investigación mencionada es veraz.

Sangolquí, 21 de Enero del 2019

José David Tusa Tusa

C.I: 172222076-9



ESPE
UNIVERSIDAD DE LAS FUERZAS ARMADAS
INNOVACIÓN PARA LA EXCELENCIA

DEPARTAMENTO DE CIENCIAS DE LA VIDA Y LA AGRICULTURA
CARRERA DE INGENIERÍA AGROPECUARIA

AUTORIZACIÓN

*Yo, Tusa Tusa, José David autorizo a la Universidad de las Fuerzas Armadas ESPE publicar el trabajo de titulación: **Implementación de tecnologías de rastreo digital para la selección intrafamiliar de individuos de trucha arco iris (Oncorhynchus mykiss) para la formación de la población base del núcleo genético ESPE-Pailones y Papallacta en el Repositorio Institucional, cuyo contenido, ideas y criterios son de mi responsabilidad.***

Sangolquí, 21 de Enero del 2019

Una firma manuscrita en tinta azul, que parece ser 'José David Tusa Tusa', escrita sobre una línea punteada.

José David Tusa Tusa

C.I: 172222076-9

DEDICATORIA

A Dios por haberme permitido llegar hasta este punto y haberme dado salud para lograr mis objetivos, además de su infinita bondad y amor.

A mi madre Blanca por haberme apoyado en todo momento, por sus consejos, sus valores, por la motivación constante que me ha permitido ser una persona de bien, pero más que nada, por su amor.

A mi padre José por los ejemplos de perseverancia y constancia que lo caracterizan y que me ha infundado siempre, por el valor mostrado para salir adelante y por su amor.

A Maite por cuidar a mis padres en los momentos de mi ausencia, de quien soy el ejemplo y por quien busco superarme cada día.

A mis maestros Dr. Darwin Rueda, Dr. Juan Ortiz, Ing. Gustavo Naranjo por su gran apoyo y motivación para la culminación de mis estudios profesionales y para la elaboración de esta investigación.

A mis amigos que nos apoyamos mutuamente en nuestra formación profesional y que hasta ahora, seguimos siendo amigos: Byron Rengifo, David Contreras, Alexander Castrillón, Max Saltos, Kevin Castro, Ricardo Pinto, Adriana Naranjo, Mónica Sarango, Elizabeth Albuja y Andrea Alarcón por haberme ayudado a realizar este trabajo.

Finalmente a los maestros, aquellos que marcaron cada etapa de mí formación universitaria, que me ayudaron en asesorías y dudas presentadas en la elaboración de esta investigación.

AGRADECIMIENTO

Le agradezco a Dios por haberme acompañado y guiado a lo largo de mi carrera, por ser mi fortaleza en los momentos de debilidad y por brindarme una vida llena de aprendizajes.

Le doy gracias a mis padres José y Blanca por apoyarme en todo momento, por los valores que me han inculcado, y por haberme dado la oportunidad de gozar una excelente educación en el transcurso de mi vida. Sobre todo por ser un excelente ejemplo de vida a seguir.

Le agradezco la confianza, apoyo y dedicación de tiempo a mis maestros: Dr. Darwin Rueda, Dr. Juan Ortiz, Dr. María Augusta Chávez, M.Sc. Gustavo Naranjo. Por haber compartido conmigo sus conocimientos y sobre todo su amistad.

Gracias Ing. Alejandro De la Roche, Ing. Margarita Rivera por haberme brindado la oportunidad de desarrollar parte de mi proyecto de pregrado en el Centro de investigaciones acuícolas CENIAC, por todo el apoyo y facilidades que me fueron otorgadas.

Al Dr. José Gallardo, profesor adjunto de la Pontificia Universidad Católica Valparaíso-Chile, gracias por la predisposición de ser el Director externo de mi proyecto de pregrado.

A Pamela Ayala que gracias a sus clases cambio mi vida, su amistad cambio mi forma de pensar y su apoyo en el momento que más lo necesite.

A mis amigos: Byron, David, Alexander, Max, Kevin, Ricardo, Adriana, Mónica, Elizabeth y Andrea por ser parte significativa de mi vida, y por haber hecho el papel de una familia verdadera en todo momento, gracias por su apoyo, comprensión y sobre todo amistad.

José Tusa.

ÍNDICE DE CONTENIDOS

CARÁTULA

CERTIFICADO DEL DIRECTOR.....i

AUTORÍA DE RESPONSABILIDAD.....ii

AUTORIZACIÓN.....iii

DEDICATORIA.....iv

AGRADECIMIENTO.....v

ÍNDICE DE CONTENIDOS.....vi

ÍNDICE DE TABLAS.....ix

ÍNDICE DE FIGURAS.....xi

RESUMEN.....xiii

ABSTRACT.....xiv

CAPÍTULO I

INTRODUCCIÓN

1.1 Antecedentes 1

1.2 Justificación 3

1.3 Planteamiento del problema..... 5

1.3.1 Los efectos 6

1.3.2 Las causas 6

1.4 Objetivos 7

1.4.1 Objetivo general 7

1.4.2 Objetivos específicos 7

1.5 Hipótesis..... 7

CAPÍTULO II

MARCO TEÓRICO

2.1	Origen y distribución	8
2.2	Morfología	8
2.2.1	Clasificación taxonómica	9
2.2.2	Hábitat y comportamiento.....	10
2.2.3	Diferenciación sexual.....	11
2.3	Cultivo de trucha en el Ecuador	12
2.4	Programas de mejoramiento genético en las especies piscícolas.....	12
2.4.1	Sistemas de mejoramiento	14
2.5	Biochips	23
2.6	Morfometría geométrica digital	26

CAPÍTULO III

MATERIALES Y MÉTODOS

3.1	Lugar de investigación	30
3.1.1	Núcleo ESPE-Pailones	30
3.1.2	Núcleo Papallacta.....	30
3.2	Familias en estudio.....	31
3.3	Seguimiento y mantenimiento de los animales F1	31
3.3.1	Juvenil	31
3.3.2	Engorde	33
3.3.3	Alimentación.....	34
3.4	Rastreo e identificación de individuos por biochips	36
3.4.1	Implante de biochips	36

3.4.2	Rastreo de biochips	37
3.5	Evaluación de parámetros morfométricos.....	38
3.5.1	Masa corporal.....	38
3.5.2	Longitud parcial	38
3.5.3	Obtención de dimensiones por morfometría digital.....	38
3.6	Análisis estadístico.....	40
3.7	Selección para la formación de la población base	41
3.7.1	Las variables productivas evaluadas fueron las siguientes	42

CAPÍTULO IV

RESULTADO Y DISCUSIÓN

4.1	Codificación de individuos en los núcleos de mejora genética de ESPE-Pailones y Papallacta	44
4.2	Selección de individuos de trucha arco iris en los núcleos ESPE-Pailones y Papallacta	47
4.2.1	Análisis de variables productivas y morfométricas	47
4.2.2	Análisis de morfometría geométrica digital	63
4.2.3	Análisis estadístico para la selección intrafamiliar de trucha arco iris de los núcleos ESPE-Pailones y Papallacta	72

CAPÍTULO V

CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES

5.1	Conclusiones	76
5.2	Recomendaciones.....	77
5.3	Bibliografía	78

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1	<i>Diferenciación sexual de trucha arco iris</i>	11
Tabla 2	<i>Índices de heredabilidad de la ganancia de peso en diferentes especies de peces comerciales</i>	16
Tabla 3	<i>Nutrición de la trucha en sus diferentes etapas</i>	34
Tabla 4	<i>Alimentación de la trucha en función de raciones diarias</i>	35
Tabla 5	<i>Información nutricional del balanceado 50%</i>	35
Tabla 6	<i>Fórmula cuantitativa del balanceado</i>	35
Tabla 7	<i>Media \pm desviación estándar de la masa corporal a los 230 hasta 410 días de las poblaciones de trucha arco iris en los núcleos ESPE-Pailones y Papallacta.</i>	47
Tabla 8	<i>Medidas de dispersión para la masa corporal (g) de cada familia de trucha arco iris a los 410 días en el núcleo ESPE-Pailones</i>	50
Tabla 9	<i>Medidas de dispersión para la masa corporal (g) de cada familia de trucha arco iris a los 410 días en el núcleo Papallacta</i>	51
Tabla 10	<i>Media \pm desviación estándar de longitud parcial a los 230 hasta los 410 días de las poblaciones de trucha arco iris en los núcleos ESPE-Pailones y Papallacta.</i>	52
Tabla 11	<i>Medidas de dispersión para el ICC de las poblaciones de trucha arco iris</i>	55
Tabla 12	<i>Medidas de dispersión para el ICC de las 18 familias de trucha arco iris en el núcleo ESPE-Pailones</i>	56
Tabla 13	<i>Medidas de dispersión para el ICC de las 10 familias de trucha arco iris en el núcleo Papallacta</i>	56
Tabla 14	<i>Media \pm desviación estándar del ICC calculado a los 410 días de las familias de trucha arco iris de los núcleos ESPE-Pailones y Papallacta</i>	57
Tabla 15	<i>Parámetros para evaluar el ICC en trucha arco iris</i>	58
Tabla 16	<i>Media \pm error estándar del calculado TCE (%) desde el día 230 hasta 410 en un intervalo de 15 días, de las familias de trucha arco iris de los núcleos ESPE-Pailones y Papallacta</i>	60
Tabla 17	<i>Análisis de componentes principales en el análisis morfométrico para la población de trucha arco iris del núcleo ESPE-Pailones y Papallacta. Se</i>	

	<i>indican las proporciones de cada componente para explicar las diferencias morfológicas entre familias.....</i>	67
Tabla 18	<i>Matriz de estructura de las cuatro primeras componentes principales para las coordenadas de los 12 landmarks utilizados en los peces de los núcleos ESPE-Pailones y Papallacta.....</i>	68
Tabla 19	<i>Media \pm Desviación estándar de la masa corporal (gramos) de las familias y de los individuos seleccionados del núcleo ESPE-Pailones</i>	74
Tabla 20	<i>Media \pm Desviación estándar de la masa corporal (gramos) de las familias y de los individuos seleccionados del núcleo Papallacta</i>	75

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1	Representación de un programa de selección masal.....	17
Figura 2	Diseño de un programa de selección familiar.....	21
Figura 3	Mapa de ubicación proyecto de acuicultura Pailones IASA 1 y ubicación del Centro Nacional de Investigaciones Acuícolas	30
Figura 4	Estanques para juveniles de trucha arco iris en las instalaciones del Núcleo ESPE-Pailones y Núcleo Papallacta.....	32
Figura 5	Estanques para engorde de trucha arco iris en las instalaciones del Núcleo ESPE-Pailones y Núcleo Papallacta	33
Figura 6	Implantación de biochips	37
Figura 7	Puntos de referencia utilizados para los análisis morfométricos de trucha arco iris	39
Figura 8	Cámara digital NIKON D70equipada con una lente NIKON AF NIKKO y mantenida en la misma posición con un trípode.	40
Figura 9	Materiales para la toma de parámetros morfométricos.....	43
Figura 10	Implantación subcutánea de microchip en trucha arco iris.....	44
Figura 11	Daño de dermis por fricción de movimientos de locomoción subcarangiforme	45
Figura 12	Cicatrización de la herida de implantación intramuscular de microchip en trucha arco iris	46
Figura 13	Curvas de crecimiento para la masa corporal promedio teórico y real de las familias de trucha arco iris de los núcleos ESPE-Pailones.....	49
Figura 14	Curvas de crecimiento para la masa corporal promedio teórico y real de las familias de trucha arco iris de los núcleos Papallacta	49
Figura 15	Curvas de crecimiento para la longitud parcial promedio teórico y real de las familias de trucha arco iris de los núcleos ESPE-Pailones.....	54
Figura 16	Curvas de crecimiento para la longitud parcial promedio teórico y real de las familias de trucha arco iris de los núcleos Papallacta	54
Figura 17	Índice de Condición Corporal de las 18 familias de trucha arco iris a los 410 días en el núcleo ESPE-Pailones	58

Figura 18	Índice de Condición Corporal de las 10 familias de trucha arco iris a los 410 días en el núcleo Papallacta	59
Figura 19	Tasa de mortalidad de las familias de trucha arco iris del núcleo ESPE-Pailones	61
Figura 20	Tasa de mortalidad de las familias de trucha arco iris del núcleo Papallacta	62
Figura 21	PLS Dentro de una configuración de puntos de referencia del Núcleo ESPE-Pailones	64
Figura 22	PLS Dentro de una configuración de puntos de referencia del Núcleo Papallacta.....	64
Figura 23	Puntuaciones de los componentes principales del núcleo ESPE-Pailones	65
Figura 24	Puntuaciones de los componentes principales del núcleo Papallacta	66
Figura 25	Representación gráfica de las dos primeras componentes del ACP para el análisis general de morfometría geométrica que incluye todas las familias de trucha arco iris del núcleo ESPE-Pailones	69
Figura 26	Representación gráfica de las dos primeras componentes del ACP para el análisis general de morfometría geométrica que incluye todas las familias de trucha arco iris del núcleo Papallacta.	70
Figura 27	Diagrama de puntos de la selección intrafamiliar “Familia 2” en función de la media de masa corporal	73

RESUMEN

Los programas de selección genética son una herramienta fundamental para la mejora de la producción en acuicultura. Por ello, el Centro de Investigaciones Acuícolas CENIAC – Papallacta establece un programa de mejora genética con trucha arco iris (*Oncorhynchus mykiss*) para acrecentar la eficiencia de los sistemas piscícolas, la que se implementó en colaboración con la Universidad de las Fuerzas Armadas – ESPE, en el centro piscícola Pailones. Por lo que la presente investigación tuvo como objetivo implementar tecnologías de rastreo digital para la selección intrafamiliar de individuos de trucha arco iris para la formación de la población base F0 del núcleo genético ESPE-Pailones y CENIAC-Papallacta. Mediante la codificación individual de los peces con microchips, han permitido rastrear el crecimiento individual a partir de datos de masa corporal desde 27.53 ± 6.95 hasta 200.2 ± 41.28 gramos y longitud 11.83 ± 1.15 hasta 21.89 ± 1.88 cm, con bajas tasas de error, sin afectar el crecimiento, ni la supervivencia. La evaluación de los parámetros morfométricos y productivos en las etapas juvenil y engorde mostraron diferencias significativas para masa corporal y longitud parcial, lo que determinó un índice de condición corporal que se ajustó a la categoría de peces de excelente condición tipo trofeo descrito por Barnham & Baxter (2003). La población base (F0) con el mejor potencial productivo y morfométrico (cuerpo fusiforme tipo torpedo) se estableció con 124 individuos de las 18 familias del núcleo ESPE-Pailones y 104 individuos de las 10 familias del núcleo Papallacta.

PALABRAS CLAVE

- **TRUCHA ARCO IRIS**
- **MEJORAMIENTO GENETICO**
- **SELECCIÓN INTRAFAMILIAR**
- **RASTREO DIGITAL**

ABSTRACT

The genetic selection programmes are a fundamental tool for improving the aquaculture production. For this reason, the Aquaculture Research Center CENIAC – Papallacta demands to establish a genetic improvement program with rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) to enhance the efficiency of the systems in fish-farming, the one that was implemented in with the University of the Armed Forces-ESPE support in the Pailones fish center. Therefore, the present research objective is that implements tracking digital technologies for selecting domestic individuals of rainbow trout for the formation of the base population F0 of the core genetic Pailones and Papallacta. By means of the individual fish coding with microchips (radiofrequency identification tags), they have allowed to track the individual neither growth from body mass data from 27.53 ± 6.95 up to 200.2 ± 41.28 grams and length 11.83 ± 1.15 up to 21.89 ± 1.88 (cm) with low error rates, without affecting growth, nor survival. The evaluation of the morphometric and productive parameters in the youthful and fattening stages showed significant differences in the body mass and partial length, which determined an index of body condition that was adjusted to an excellent fish category as a trophy type condition described by Barnham & Baxter (2003). The base population (F0) with the best productive and morphometric potential (torpedo type fusiform body) was established with 124 individuals from the 18 families of the ESPE-Pailones nucleus and 104 individuals from the 10 families of the Papallacta nucleus.

KEYWORDS

- **RAINBOW TROUT**
- **GENETIC IMPROVEMENT**
- **INTRA-FAMILY SELECTION**
- **DIGITAL TRACKING**

CAPÍTULO I

INTRODUCCIÓN

1.1 Antecedentes

El cultivo de truchas es una de las actividades acuícolas más importantes en el mundo, siendo en algunos países una opción económica emergente como es el caso de Ecuador, en donde la mayor parte de los cultivos de trucha son de pequeña y mediana escala (FAO, 2016). Para el país el cultivo de trucha representa un sector de importancia económica, y se enfoca a un mercado interno. Sin embargo, presenta muchos limitantes, sobre todo en el poco desarrollo tecnológico en todos los ámbitos que involucran el cultivo, como son la obtención de ovas de alta calidad (FAO, 2017).

A nivel nacional hay pocos centros de producción de ovas y alevines de trucha, por lo que el abastecimiento depende principalmente de la importación, de países como son España, Chile, Estados Unidos, Finlandia, México, entre otros (Mora, Uyaguari, & Osorio, 2009). Debido a esta necesidad, en 1996 se creó el Centro Nacional de Investigaciones Acuícolas (CENIAC) por parte del ministerio de Agricultura, Ganadería y Pesca, para producir alevines de calidad a un precio accesible para los productores a pequeña y mediana escala.

Sin embargo, la producción de alevines del centro no es suficiente para cubrir el incremento de la demanda, así como las nuevas exigencias que presenta el mercado de producción, como son resistencia a enfermedades causadas por hongos y bacterianas, altos índices de crecimiento, mayor conversión alimenticia, entre otros. Durante el funcionamiento del centro se ingresaron algunas líneas de trucha de diversos orígenes, para prevenir el incremento de la consanguinidad y obtener alevines con mejores características productivas. No obstante aquello y por cuestiones técnicas y económicas se produjo una mezcla completa de las poblaciones, se realizaron cruces no dirigida

para la obtención de embriones, produciéndose nuevamente un problema de pérdida de variabilidad genética, así como una falta de control en los cruzamientos que llevó a la baja de calidad de los alevines (MAGAP, 2016).

Debido a esta problemática se propuso realizar el “Programa de Mejora Genética orientado a la acuicultura a pequeña y mediana escala” dirigido por el CENIAC en cooperación con la Universidad de las Fuerzas Armadas y la Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Chile, para obtener una población base de reproductores de alto potencial productivo mediante la realización de cruzamientos dirigidos, a partir de la población de reproductores actuales del centro se obtuvieron 45 familias que fueron evaluadas durante las etapas de alevinaje e inicios de juvenil, para finalmente seleccionar 18 familias que presentaron las mejores condiciones productivas (Valdivieso, 2018).

Dentro del proyecto se desarrolló métodos de biología molecular para determinar el nivel de parentesco entre individuos, permitiendo en un futuro realizar cruces dirigidas a partir de esta población base, y mantener un buen lote de reproductores de alto valor productivo y evitar efectos como la consanguinidad. Por ello se requieren metodologías y estrategias que hagan posible su imbricación en el sistema productivo para obtener así alevines de mayor calidad como base para un crecimiento sostenible. Para llevar a cabo estos planes son necesarios los sistemas de identificación individual para una trazabilidad individualizada del rendimiento productivo. Dada la amplia gama de marcas disponibles en el mercado es necesario seleccionar el tipo más apropiado así como definir su técnica de implantación en base a las características de la especie. Los chips son marcas internas que usan tecnología de radiofrecuencia para comunicarse con un lector (Bravo-Córdoba, 2016). Estos dispositivos situados en la cavidad peritoneal o intramuscular permiten una

identificación inequívoca de los animales durante toda su vida productiva. Además, se pueden usar con lectores acoplados a balanzas y cámaras para el registro automático de datos que minimizan los errores. Según estos antecedentes el presente trabajo busca realizar una selección intrafamiliar, en la cual la selección se efectúa independientemente dentro de cada familia. Según Tave (1986), tomando en cuenta parámetros morfológicos y productivos en los peces se decide cuáles se han de conservar y cuáles deben ser descartados, se ordenan los peces de cada familia y se reservan los mejores 10, 15 o 20 peces de cada 15, 20 o 30 familias, de esta manera se obtiene la población base para el desarrollo futuro del presente programa de mejora genética.

1.2 Justificación

La finalidad de estos programas de mejora genética de peces es mejorar gradualmente diferentes características productivas de los animales e impactar de manera favorable en la eficiencia de los sistemas de producción. Esta puede ser realizada de diferentes maneras incluyendo: selección masal, selección familiar, selección asistida por marcadores y más recientemente selección genómica. En donde la selección masal se enfoca en buscar los mejores individuos en toda la población de individuos de estudio sin importar su origen, sin embargo, este método es efectivo en rasgos de alta heredabilidad y puede conllevar a un efecto de consanguinidad, por lo cual se prefiere usar como método de preselección (Mesa & Botero, 2007). La selección familiar se basa en un programa de cruzamiento para formar familias, las cuales serán evaluadas en base a las características de interés. Después se elegirán los individuos que pertenecen a las familias con las mejores características (selección interfamiliar), o a los individuos que presenten las mejores características de cada familia (selección intrafamiliar). Sin embargo, se prefiere en la mayoría de los programas de mejoramiento, la selección familiar combinada, es decir los mejores individuos

de las mejores familias (Gallego , 2010; Wigth , 1976). La selección intrafamiliar posibilita la pérdida de variabilidad genética al conservar individuos de varias familias, lo que a largo plazo permite que el aumento de consanguinidad sea controlado. Además, el uso de esta selección disminuye el efecto ambiental cuando no todas las familias comparten un mismo estanque. Por lo cual esta selección proporcionará al presente Programa de Mejora Genética, individuos de alto valor productivo, una variabilidad suficiente y una disminución de efecto ambiental al formar la población base.

A partir de la década 1991-2000, surgen metodologías que permiten el rastreo de grandes regiones genómicas mediante la obtención y el uso de mapas genéticos y el análisis funcional simultáneo de miles de genes, objetivo de los estudios de genómica funcional. La aparición de la genómica se ha basado en avances tecnológicos importantes (secuenciadores, termocicladores, robotización) que permiten el análisis masivo de secuencias y fragmentos. Igualmente, ha sido decisivo el desarrollo de herramientas bioinformáticas que han permitido procesar y analizar cientos de miles de datos de forma rápida y ordenada, limitando la proporción de errores y automatizando numerosas tareas, antes realizadas manualmente. (Martínez, 2011). La acuicultura ha ido incorporando, aunque lentamente, las nuevas herramientas de la genómica en los últimos años, siguiendo las líneas aplicadas en agricultura y ganadería. Las técnicas moleculares ofrecen una importante posibilidad para el conocimiento genético animal, pero requieren del apoyo de los métodos tradicionales de selección y un buen conocimiento fenotípico de la especie (Montaldo, 1998). Los mapas genéticos son esenciales para la identificación y el seguimiento de genes o regiones genómicas de interés económico (Quantitative Trait Loci, QTL), para programas de selección asistida por marcadores y, en última instancia, para la localización mediante clonaje

posicional de genes relacionados con la salud y el crecimiento de animales domésticos (Danzmann & Gharbi, 2001). El análisis de la función génica se ha realizado tradicionalmente de forma individualizada.

Durante el desarrollo del Programa de Mejoramiento Genético se utilizó un método de preselección Masal de los reproductores, que posteriormente fueron cruzados y se formó 45 familias, y a partir de estos se optó por el método de selección combinado, en primer lugar, se seleccionó de manera interfamiliar a 18 familias con los mejores valores productivos durante la etapa de alevinaje y juvenil, y posteriormente en el presente trabajo se llevará a cabo la selección intrafamiliar de los mejores individuos de estas familias (Valdivieso, 2018).

El uso de las nuevas tecnologías como son, el rastreo digital mediante biochips implantados en los individuos permite una mejor identificación que otros métodos tradicionales (argollas, aretes, amarras, etc.), ya que hay menos probabilidad que pierda su identificación. Además, estos métodos permiten mantener grupos poblacionales unidos, lo que disminuye la necesidad de poseer una gran infraestructura o la adaptación de sistemas para separar poblaciones, posibilitando el manejo de un gran número de familias o subpoblaciones. El uso de esta tecnología también brinda beneficios ya que es posible llevar información completa del individuo, lo que mejora el tratamiento de los datos a analizar, la eficiencia en el registro y la evaluación en los programas de mejora genética en las poblaciones. Por estas razones estas tecnologías fueron implementadas en el presente proyecto.

1.3 Planteamiento del problema

Los programas de selección genética son una herramienta fundamental para la mejora de la producción en acuicultura, estos permiten controlar la consanguinidad y mejorar las características productivas de los animales, obteniendo ovas y alevines con altos índices productivos que son de

interés económico para los piscicultores. A nivel Nacional los centros públicos de investigación no cuentan con programas de mejora genética que les permita seleccionar y mantener reproductores de alto valor. El propósito de un programa de mejora genética es obtener individuos adaptados al entorno y con características similares o superiores a los entes importados de países pioneros en el desarrollo de esta especie.

1.3.1 Los efectos

Uno de los efectos más importantes de la ausencia de un programa de mejora genética es la pérdida de la variabilidad genética en poblaciones de truchas arco iris, aumentando los niveles de consanguinidad, lo que generan problemas en tasas de crecimiento, deformaciones, infertilidad, baja fecundidad entre otros (Martínez & Figueras, 2007). Los cuales se reflejan en una baja producción y baja calidad de los alevines, desabasteciendo el mercado nacional y forzando a los productores a la importación de ovas. Otro efecto de importancia al no poseer estos programas y un buen sistema de selección, es el efecto de la interacción genotipo - ambiente sobre el desempeño productivo los animales (Martínez & Figueras, 2007). Los alevines de ovas importadas suelen tener alta tasa de mortalidad debido a que no están adaptadas a las condiciones presentes en el país (CENIAC, 2012). Mientras que los alevines nacionales presentan alta adaptabilidad, pero ausencia de características productivas, las cuales pudieran ser solucionadas con un buen programa de mejora genética.

1.3.2 Las causas

La principal causa para la ausencia de un programa de mejora genética y un sistema de selección de reproductores radica en la baja capacidad técnica debido a que los piscicultores de la zona Andina no están capacitados; tampoco cuentan con equipos tecnológicos de marcaje digital,

etiquetas de radio frecuencia, etc., infraestructura (estanques construidos en suelo directo, cemento, geo membrana) y recursos económicos. Además, la ausencia de especialistas en genética restringe la capacidad de llevar un proyecto de una forma correcta.

1.4 Objetivos

1.4.1 Objetivo general

- Implementar tecnologías de rastreo digital para la selección intrafamiliar de individuos de trucha arco iris (*Oncorhynchus mykiss*) para la formación de la población base del núcleo genético ESPE-Pailones y Papallacta

1.4.2 Objetivos específicos

- Implementar la metodología de codificación de individuos en los núcleos de mejora genética de ESPE-Pailones y Papallacta
- Evaluar parámetros productivos y morfométricos durante las etapas juvenil y engorde en individuos correspondientes a grupos familiares (F_0) del núcleo ESPE-Pailones y Papallacta
- Seleccionar y valorar los individuos con el mejor potencial productivo y morfométrico de las 28 familias para formar la población base (F_0) del programa de mejora genética

1.5 Hipótesis

- H_0 : “El uso de rastreo digital en programas de selección intrafamiliar limita la detección de parámetros productivos y morfométricos entre individuos de trucha arco iris de la población base criados en las Instalaciones del IASA I”
- H_1 : “El uso de rastreo digital en programas de selección intrafamiliar facilita la detección de parámetros productivos y morfométricos entre individuos de trucha arco iris de la población base criados en las Instalaciones del IASA I”

CAPÍTULO II

MARCO TEÓRICO

Trucha arco iris

2.1 Origen y distribución

La trucha arco iris (*Oncorhynchus mykiss*), pertenece a la familia de los salmónidos, grupo de peces que comprenden 7 géneros y cerca de 35 especie, todos con orígenes en las altas latitudes Norte América, donde ríos y lagos alcanzan temperaturas inferiores a 20°C, en su medio natural, durante la época de reproducción, remonta las corrientes para desovar en las partes altas de las quebradas. Su coloración varía según el hábitat, tamaño y edad. Es un pez muy llamativo que tiene forma fusiforme y generalmente es de color azul verdoso o amarillo verdoso con una línea rosa en cada lado, vientre blanco y puntos negros en la parte dorsal y en las aletas (Ferriz, 1993). *Oncorhynchus mykiss*- es una especie omnívora, con preferencia hacia los crustáceos e insectos (quironómidos, coleópteros, dípteros y hemípteros), restos vegetales, como presas secundarias arácnidos, anuros, bivalvos, huevos de peces y peces pequeños incluyendo otras truchas, los estados juveniles se alimentan de zooplancton (Gall & Crandell, 1992).

En la actualidad la trucha arco iris se distribuye en todos los países del mundo, menos en la Antártida. En América del Sur, se localiza en Argentina, Brasil, Bolivia Chile, Colombia, Ecuador, Perú y Venezuela. Los sistemas con mayor producción se sitúan en Europa, Norte América, Chile, Japón y Australia (FAO, 2016).

2.2 Morfología

La trucha arco iris se distingue de los demás salmónidos por la ancha banda purpúrea que tiene en cada uno de sus flancos, desde el opérculo hasta la cola. Su espalda es verde oliva y sus lados

plateados, tornándose blanca en el vientre. Presenta manchas negras redondeadas en casi todo el cuerpo, principalmente en el dorso. Las aletas dorsales y caudal están profusamente moteadas. La aleta anal puede presentar el borde externo blanco en las truchas que frecuentan los arroyos (Riva, 2004).

Su cuerpo es alargado, fusiforme, con simetría bilateral, estrechado lateralmente y aplastado en el sentido dorso-ventral perfecto para la natación. Dispone de aletas redondeadas, a excepción de la adiposa, situada entre la caudal y la dorsal, característica de los salmónidos. La aleta caudal es larga, carnosa y con imbricaciones de radios. Las aletas ventrales y anal, muy potentes, le permiten girar rápidamente y las pectorales, muy sólidas, le permiten realizar movimientos rápidos. La piel está lubricada por una sustancia viscosa (mucus) que defiende al cuerpo de sustancias tóxicas, impide la fijación de parásitos, proporciona facilidad al nadar, disminuye la resistencia al agua y lo protege de la descamación (Riva, 2004).

2.2.1 Clasificación taxonómica

La clasificación taxonómica de la trucha arco iris se presenta a continuación (Gall & Crandell, 1992):

Reino:	Animal
Phylum:	Chordata
Subphylum:	Vertebrata
Superclase:	Pisces
Clase:	Osteichthyes
Subclase:	Actinopterygii
Orden:	Salmoniformes
Familia:	Salmonidae
Género:	<i>Oncorhynchus</i>
Especie:	<i>Mykiss</i>
Nombre científico:	<i>Oncorhynchus mykiss</i>
Nombre común:	Trucha arco iris

2.2.2 Hábitat y comportamiento

Para el cultivo de la trucha, se requiere condiciones ambientales (calidad de agua y de suelo) y de manejo que garantice el éxito de la explotación ya que incurren de modo sustancial en los procesos intermedios de crecimiento y por ende en la producción final. Las condiciones ambientales hacen referencias directas a la calidad del agua en cuanto a su origen, temperatura y permanencia o estabilidad de caudal, mientras que las condiciones de manejo se refieren a metodologías de selección que establecen criterios de uniformidad de tallas, que se reflejan en el consumo de alimento (Sanabria, 2016).

En condiciones naturales, la trucha puede vivir en aguas con temperaturas entre 4°C y 25°. Sin embargo, en cultivo, la temperatura más apropiada para la trucha, es de 13°C a 18°C. Entre más se aparte la temperatura del agua de este rango, menor ganancia en peso se puede lograr, pues el crecimiento es más lento. A medida que la temperatura aumenta el contenido de oxígeno disminuye y hay mayor probabilidad de formación de amoníaco tóxico para los peces (INCOPECA, 1999).

En la etapa de alevinaje en la cual se mantienen a los individuos durante los primeros meses de vida hasta que adquieran una longitud cercana de 5 a 8 cm. Talla a la cual cambia su nombre a juveniles, considerándose que ya debe iniciarse la fase de engorde, en esta fase se espera una mortalidad del 10 al 15%. Es trascendental tener una adecuada densidad de siembra para garantizar el buen desarrollo y salud de los individuos, existen diferencias en el crecimiento de los alevinos que pueden perdurar durante toda la vida, se presentan ejemplares más desarrollados que otros, los cuales son llamados cabezas y que corresponden a un 25% de la población, normalmente constituidos por hembras, un 50% viene hacer el centro y los más pequeños o colas (machos) constituye el 25% restantes. El canibalismo se presenta en esta época por lo cual deben separarse

por tallas buscando que no exista una diferencia en tamaños superior al 30%, la primera separación se efectúa cuando el animal tiene una talla de 4 cm. El alimento a proveer debe ser de un alto contenido proteico 45% a 50%, cuando los alevinos adquieren un tamaño de 7 y 9cm se inicia el proceso de engorde o ceba, que finaliza con el sacrificio cuando alcanza el peso comercial de 200 a 300 gr. la duración de esta etapa está condicionada a la calidad de agua, en especial a la temperatura y el tipo de manejo dado durante el periodo (Sanabria, 2016).

2.2.3 Diferenciación sexual

El dimorfismo sexual en la trucha arco iris se observa cuando los individuos se aproximan al período reproductivo, esto simboliza que los machos y hembras ostentan claras diferencias morfológicas (Tabla 1).

Tabla 1
Diferenciación sexual de trucha arco iris

Característica	Macho	Hembra
Boca y mandíbula	Grande y Puntiguda	Pequeña y redondeada
Dientes	Agudos	No muy agudos
Musculatura	Dura	Suave
Abdomen	Duro	Blando
Poros Genital	No prominente	Prominente
Color	Muy negruzco	Normal
Ancho del Cuerpo	Angosta	Ancha
Forma del cuerpo	Delgada	Redondeada

Fuente: (FAO, 2016)

2.3 Cultivo de trucha en el Ecuador

El cultivo de trucha arco iris inició en el Ecuador por el año 1932, con la introducción de alevines para repoblación en ríos y lagos de la serranía. En sus inicios se desarrolló de forma extensiva, pero a través del tiempo se ha ido tecnificando, por lo cual se ha incrementado los volúmenes de producción de esta especie hasta las 3200 toneladas y un valor estimado de 19.2 millones de dólares para el año 2014 (FAO, 2017).

La producción de trucha se concentra en la región Sierra, debido a que cuenta con los recursos hídricos adecuados para la actividad. La totalidad de los criaderos se localizan en zonas de las provincias de Loja, Azuay, Cañar, Chimborazo, Bolívar, Tungurahua, Cotopaxi, Pichincha, Imbabura, Napo, Sucumbíos. Siendo además una fuente económica para muchas comunidades (CENIAC, 2012).

2.4 Programas de mejoramiento genético en las especies piscícolas

De manera general un programa de mejoramiento genético animal se define como “*el uso de herramientas biológicas y matemáticas tendientes a aumentar la frecuencia de genes relacionados con caracteres que se consideran favorables en una población de animales domésticos*” (INIA, 2009).

La aplicación de principios biológicos, económicos y matemáticos a los diferentes sistemas productivos, admite aprovechar la variación genética entre individuos de la misma raza o entre razas y maximizar su mérito productivo. Esto implica la evaluación productiva, el registro genealógico y el análisis de datos para identificar con exactitud los individuos aptos a ser seleccionados con respecto a sus congéneres y así poder transmitir el material genético de mejor

calidad, mediante las metodologías reproductivas adecuadas (Cardelino & Rovira, 1987; Falconer, 1981; Tave, 1993).

El primer paso para un programa de mejoramiento genético, es conocer los parámetros estadísticos de la característica seleccionada (media, varianza, desviación estándar, coeficiente de variación y rango); la desviación estándar y el coeficiente de variación estipulan qué tanto se puede lograr en un programa de selección (Tave, 1986). Como segundo paso, es preciso estimar la heredabilidad (h^2) del carácter a ser evaluado, lo que significa cual porcentaje de variación entre individuos de la misma especie se debe a los genes, y que es debido al medio ambiente (Pérez, 1996). Así se podrá continuar con un tercer paso que se refiere a la estrategia o método de mejoramiento genético, mediante la selección o cruzamiento y finalmente como cuarto paso, implementar el uso de marcadores moleculares que permitan el seguimiento genotípico de los individuos que conciernen al programa genético ya constituido.

El crecimiento acelerado de la acuicultura mundial latinoamericana en los últimos 25 años, especialmente en los países como Chile, Ecuador, Venezuela, Brasil y Colombia, se ha logrado a través del mejoramiento animal haciendo uso de la selección artificial, y se ha centrado en el desarrollo de especies como tilapia, carpa y salmónidos (FAO, 2016). Estudios genéticos en salmónidos como trucha café (*Salmo trutta*) y trucha arco iris (*Oncorhynchus mykiss*), han centrado sus investigaciones en la evaluación genética y el mejoramiento de características cuantitativas, investigando la respuesta a la selección, evaluando la heredabilidad, y juzgando la interacción genotipo-ambiente (Solar, 2002). Así mismo, países como Israel y Colombia han utilizado la investigación genética para el desarrollo de la tilapia (*Oreochromis spp.*) para conseguir líneas

superiores en rendimiento, adaptabilidad, sobrevivencia, y conversiones alimenticias (Castillo, 2003).

Los programas de mejoramiento genético en peces, han utilizado la selección artificial con excelentes resultados; como ejemplo de ello, en la trucha (*Oncorhynchus mykiss*) se logró reducir 68 días la edad de reproducción; en tilapia roja (*Oreochromis spp.*) se acortó 50 días la edad de maduración de las hembras al transcurrir cuatro generaciones y se consiguió aumentar la tasa de crecimiento 250% en el salmón (*Salmo salar*) y 85% en tilapia nilótica (*Oreochromis niloticus*) (Mesa & Botero, 2007).

2.4.1 Sistemas de mejoramiento

Los métodos básicos de mejoramiento genético pueden ser definidos como un conjunto de técnicas que tienen como finalidad aumentar la frecuencia de los genes deseables o de las combinaciones genéticas buenas en una población. El mejoramiento animal, en cualquier país y en cualquier especie, cuenta básicamente con dos herramientas: la selección y los sistemas de apareamiento, que persiguen como principal objetivo lograr avances en características económicamente importantes (Pineda, Taborda, & Hernández, 2013).

2.4.1.1 Selección

Cuando en una población hay diversidad de animales, se deben seleccionar los animales superiores y permitirles que sean los padres y las madres de la nueva generación de individuos, y al mismo tiempo se deben descartar los animales inferiores, esta práctica económica y eficiente se llama selección (Falconer & Mackay, 1996). La selección como técnica de mejoramiento genético mediante la cual se separa como reproductores a los individuos superiores de una población. También se afirma que por medio de la selección se mejoran primordialmente las características

que son apreciablemente hereditarias y que efectivamente interesan como la ganancia de peso (Tirados, 2001).

Ossa (2003), sustenta que las operaciones que hay que realizar en el proceso de selección son:

- Decidir las características a seleccionar
- Decidir el método de selección a utilizar
- Estimar el valor genético o de mejora de cada animal reproductor
- Ordenar los individuos por su valor genético
- Decidir la intensidad de selección que se va a utilizar
- Elección de los animales

En efecto, con el método de selección se da una mayor posibilidad para que en las generaciones futuras, se logren animales con las particularidades apetecidas por el productor (Ossa, 2003). Además asevera que la selección es de dos tipos: natural y artificial. La natural hace referencia a la supervivencia del individuo mejor dotado en un ambiente particular. La selección artificial, por su parte, es realizada por el hombre, por medio de ella éste determina en gran parte los animales que han de originar la siguiente generación. Considera que la selección artificial es de dos clases: la selección fenotípica y la selección genética. La selección-fenotípica es la que se hace cuando se compara entre sí el comportamiento fenotípico de cada uno de los miembros de un grupo de animales (Hernández G. , 1998). La selección genética se aplica cuando se contrasta un grupo de animales, no por su comportamiento, sino por el de su progenie o descendencia. En la Tabla 3 se expresan algunos valores de heredabilidad investigados en especies acuícolas de beneficio económico.

Tabla 2

Índices de heredabilidad de la ganancia de peso en diferentes especies de peces comerciales

Especie- rasgo	Índice de herencia
Tilapia áurea. Ganancia de peso 40 semanas	0.38+/- 0.08
Tilapia roja. Peso 40 semanas (hembras)	0.34+/- 0.08
Carpa. Peso 40 meses	0.48
Salmón coho. Peso 141 días	0.22
Trucha. Peso 243 días	0.60
Bagre del canal. Peso 48 semanas	0.27

Fuente: (Gallego , 2010)

La selección de reproductores es un proceso continuo, cuyo efecto, aunque relativamente pequeño, se acumula generación tras generación, acrecentando gradualmente la frecuencia de los genes favorables (Madalena, 2001).

2.4.1.2 Selección Masal

La selección sobre la base de la individualidad fenotipo o selección masal, significa que los animales son conservados o elegidos para la reproducción "*sobre la base de su propio fenotipo*", por su mérito o desempeño individual (Hulata, Wohlfarth, & Halevy, 1986).

En este tipo de selección la única información utilizada es la performance individual de cada animal candidato a la selección. Aquí no se presta atención al pedigrí del animal o la performance de sus hermanos o de la progenie que haya producido. Por ejemplo, cuando se utiliza la selección fenotípica para la ganancia de peso, para determinar si un individuo en particular debe ser conservado para criar, nos basaremos solamente en su propia ganancia de peso. Otras

consideraciones, como el mérito genético de sus padres para ganancia de peso, serán ignorados (Tirados, 2001).

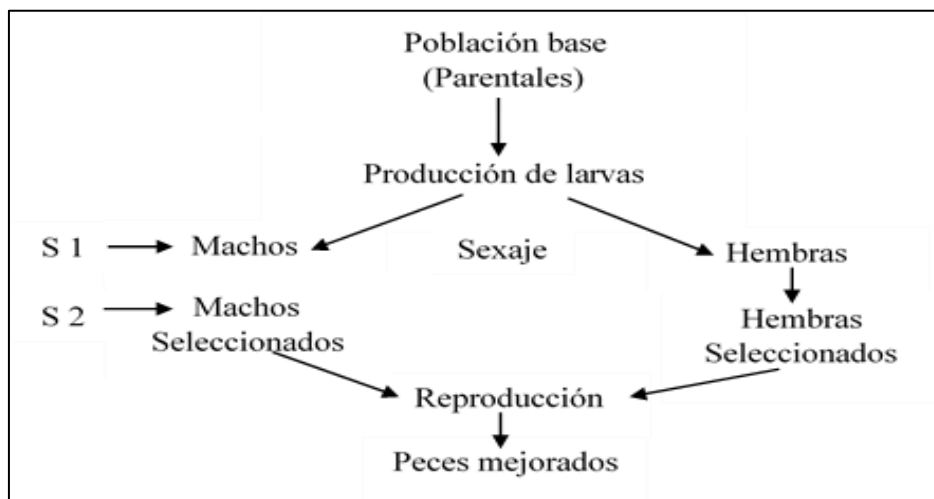


Figura 1 Representación de un programa de selección masal
Fuente: (Gallego , 2010)

2.4.1.3 Selección familiar

La diferencia entre la selección familiar y la selección individual es que en aquella la disposición de conservar o descartar los peces se adopta a nivel familiar y los valores fenotípicos individuales sólo son trascendentales en relación con la media familiar (Hulata, Wohlfarth, & Halevy, 1986). La selección familiar suele utilizarse cuando la selección individual es ineficaz a causa de la baja heredabilidad del carácter. Cuando la heredabilidad es reducida, el componente heredable de la variación fenotípica también es reducido, lo que supone que la mayor parte de las diferencias medibles entre los individuos corresponden a fuentes de variación no heredables. Al efectuar la selección a nivel familiar, se puede prescindir una parte sustancial de la variación ambiental, lo que facilita la tarea de identificar las diferencias genéticas y seleccionar los peces mejores en términos de la variación heredable (Tave, 1996).

La selección familiar se utiliza también cuando las causas ambientales de la variación no pueden ser controladas, lo que puede dificultar o imposibilitar la mejora mediante selección individual. Por ejemplo, cuando es imposible sincronizar el desove, y éste se produce en un período de varias semanas o de varios meses, se suele recurrir a la selección familiar. Este tipo de selección admite controlar las diferencias de tamaño relacionadas con la edad (Hulata, Wohlfarth, & Halevy, 1986).

Este método de selección se divide en dos tipos: selección interfamiliar se estipulan los valores medios para cada familia y a continuación se clasifican dichos valores. Se descartan o reservan, familias enteras. En este tipo de selección no se establece un valor límite, sino que el piscicultor decide conservar las mejores 10, 15 o 20 familias. No es obligatorio seleccionar a toda la familia. Si ésta es amplia, se puede reservar una muestra igual, al azar, de cada familia. Para que se pueda hablar de selección interfamiliar, la muestra ha de ser aleatoria. El piscicultor no puede preferir los mejores peces de cada una de las familias seleccionadas. Aun cuando se conserven familias enteras, el tamaño de las familias seleccionadas ha de ser uniforme, pues de lo contrario una de ellas contribuirá en mayor medida a formar la población reproductora seleccionada (Cardelino & Rovira, 1987).

Así que en el caso de la selección individual, el dimorfismo sexual puede complicar la selección para aumentar la tasa de crecimiento. Cuando una especie muestra dimorfismo sexual, es necesario pesar o medir por separado los machos y hembras de cada familia. La selección puede realizarse, entonces, de dos formas. Una vez que se conocen los valores medios para cada sexo, puede hallarse la media de los dos valores medios (en cada familia, será idéntica la aportación de los machos y las hembras a la siguiente generación) y se utilizará este valor medio global para reservar o descartar las familias. El segundo procedimiento consiste en ejecutar la selección por separado para cada

sexo. En este caso, existe la probabilidad de que en algunas familias se descarten los machos y se seleccionen las hembras o viceversa (Falconer, 1981; Pérez, 1996)

Para llevar a cabo la selección familiar, el piscicultor debe identificar los peces por familias, para lo cual se pueden seguir dos métodos distintos. En el primero, se cultiva cada familia en tanques, jaulas o estanques separados hasta que alcanzan un tamaño que permite aplicar marcas o etiquetas familiares. Una vez marcados, los peces pueden ser cultivados comunalmente (se mezclan y se cultivan juntos) y en el momento de la cosecha se separan por familias para efectuar la selección. El segundo método consiste en cultivar los peces por separado desde el momento en que se produce la fecundación de los huevos hasta que se realiza la selección. Incluso después de ésta, si no es posible marcar los peces, se les debe conservar en unidades diferentes. En caso de que puedan ser marcados, los peces reproductores seleccionados pueden ser cultivados comunalmente hasta el momento del apareamiento (Tirados, 2001).

La selección interfamiliar es más costosa que la selección individual porque exige más instalaciones y mano de obra. También hace necesario consignar más datos. El coste del programa será mucho menor si los peces pueden ser marcados y cultivados comunalmente que si se cultiva cada familia por separado.

Uno de los aspectos interesantes de la selección interfamiliar es que permite reducir la mano de obra necesaria para aumentar la tasa de crecimiento. Además, el piscicultor puede mejorar fácilmente la tasa de crecimiento mediante la selección para peso. Dado que la selección interfamiliar se basa en las medias familiares, no es necesario determinar valores individuales si se selecciona para aumento de peso. Se pueden pesar conjuntamente los peces de cada familia y obtener la media familiar dividiendo el valor obtenido entre el número de peces que se ha pesado.

Teniendo en cuenta que la selección se basa en medias familiares y que se reservan o descartan familias enteras, cabe la posibilidad de que en la selección se descarten algunos de los peces con los mejores caracteres (Tave, 1996).

La selección intrafamiliar se considera a cada familia como una subpoblación provisional y la selección se realiza independientemente dentro de cada familia. Cuando se miden los peces para decidir cuáles se han de reservar y cuáles deben ser descartados, se ordenan los peces de cada familia y se reservan los mejores de ellos. En esta forma de selección, el piscicultor conserva normalmente los mejores 10, 15 o 20 peces de cada 15, 20 o 30 familias. En caso de dimorfismo sexual, la selección se efectúa independientemente para cada sexo y el piscicultor conserva los 10, 15 o 20 machos mejores y las 10, 15 o 20 hembras mejores de cada familia (Cardelino & Rovira, 1987; Tave, 1996).

En teoría, se reservan o descartan los peces de cada familia basándose en la media familiar, pero para la selección intrafamiliar no es necesario calcular la media familiar. Al medir y ordenar todos los peces de cada familia (o todos los peces de una muestra al azar de 30–100 peces de cada familia), simplemente se reserva un número preestablecido (Pérez, 1996). Al efectuarse la selección independientemente en cada familia, es permisible que los peces que se conservan de una familia sean de menor tamaño que muchos de los descartados de otra familia. Como ocurría en la selección interfamiliar, descartar peces de gran tamaño e incluir peces más pequeños en la población de reproductores seleccionados puede resultar frustrante, pero el piscicultor debe abstener su criterio personal. Es lógico que así sea porque normalmente se recurre a la selección intrafamiliar cuando existe una causa incontrolable importante de variación ambiental, como el momento del desove o la edad de la hembra, cuyos efectos se dejan sentir a nivel familiar pero no

a nivel individual. Al subdividir la población en un amplio número de familias y efectuar la selección dentro de cada una de ellas se neutralizan esos efectos ambientales (que son los mismos para todos los peces de la familia) y de esta forma no influyen en la expresión fenotípica en la selección (Cardelino & Rovira, 1987; Tave, 1996).

La selección intrafamiliar es el programa de cría selectiva que debe utilizarse para acrecentar la tasa de crecimiento, ya que permite neutralizar la influencia que puede tener sobre el tamaño el momento del desove. Como en la selección interfamiliar, el piscicultor debe marcar las familias o cultivarlas en unidades individuales, pero en la selección intrafamiliar no es necesario cultivar las familias en unidades idénticas, porque sólo se comparan los peces de una misma familia (peces cultivados en la misma unidad). Al no efectuarse comparaciones entre familias, las diferencias ambientales entre los estanques no influirán en el proceso de selección. Así pues, en la selección intrafamiliar cada familia se puede cultivar en un solo estanque y, por tanto, el cultivo es mucho menos costoso que en la selección interfamiliar (Pérez, 1996; Tave, 1996).

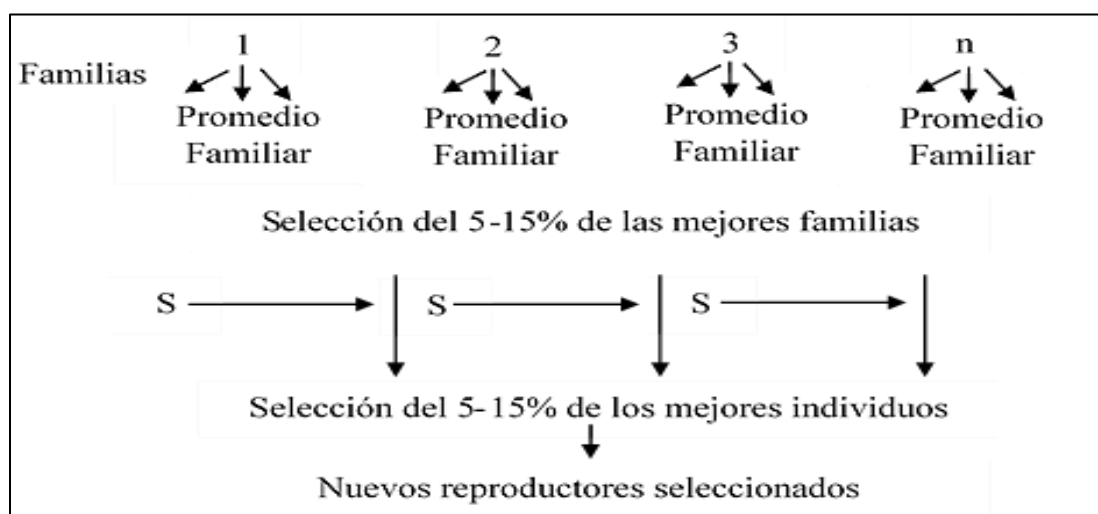


Figura 2 Diseño de un programa de selección familiar

Fuente: (Gallego, 2010)

Combinación de selección interfamiliar e intrafamiliar. Para superar algunos de los problemas que suscitan en la selección interfamiliar y la intrafamiliar, es posible combinar ambas en un programa de cría integrado. En este programa, se utiliza primero la selección interfamiliar para seleccionar las mejores familias y, a continuación, mediante la selección intrafamiliar se eligen los mejores peces de cada familia seleccionada. Si se utiliza esta combinación, el cultivo de los peces debe realizarse en las mismas condiciones que en la selección interfamiliar, porque la selección se efectúa primero a nivel interfamiliar. Se deben excluir todos los peces pequeños, de manera que en la población de peces reproductores seleccionados no existirán individuos enanos. En la fase de selección interfamiliar del programa de cría se descartarán algunos peces de gran tamaño, esto ocurre debido a la probabilidad que la variable (tamaño) no sea heredable (Tave, 1996).

En la selección asistida por marcadores moleculares en estudios de diversidad genética de organismos acuáticos, es recomendable que se tenga en cuenta la variabilidad genética intra e interespecífica, siendo de gran utilidad las técnicas con marcadores moleculares como: AFLP (Amplified fragment length polymorphism), RFLP (Restriction fragment length polymorphism), SSR (microsatélites), mtDNA (analysis of mitochondrial DNA), SNPs (polimorfismo de nucleótido simple), entre otras; las cuales requieren el uso de buenas técnicas estadísticas (Bert, Seyoums, Tringali, & McMillen-Jackson, 2002), estos métodos permiten iniciar la caracterización genética de los peces. Dentro de los marcadores de DNA más ampliamente utilizados se encuentran los microsatélites y SNPs (Polimorfismos de nucleótido único) (Yáñez & Martínez, 2010). Los SNPs, corresponden a un polimorfismo causado por la mutación de un solo nucleótido en un locus específico en la secuencia de DNA. Este polimorfismo puede representar transiciones, transversiones, inserciones y deleciones de una sola base (Lander, 1996), y la frecuencia del alelo

menor en la población debería ser 1% o mayor. En la actualidad, los marcadores SNPs forman parte de los métodos de genotipado preferidos, ya que son abundantes en el genoma, genéticamente estables, y aptos para el análisis de alto rendimiento automatizado (Vignal, Milan, & Sancristobal, 2002). Siendo así ideales para la construcción de mapas genéticos, los cuales pueden ser utilizados para facilitar la identificación de genes causales de la variación genética para determinados caracteres (Hayes & Goddard, 2010). En la actualidad se cuenta con chips de genotipado de SNPs de alta densidad para especies salmónidas los cuales vienen siendo utilizados para la identificación de QTL y genes asociados a caracteres complejos en estas especies (Yáñez, Newman, & Houston, 2015). Además, esta densidad de marcadores SNP pueden ser utilizados para predecir los valores genéticos-genómicos para diversos rasgos de importancia económica en los programas de mejoramiento genético en estas especies (Odegard, y otros, 2014).

2.5 Biochips

Esta metodología de identificación por radiofrecuencia (RFID), permite el marcaje para la identificación permanente, única, a prueba de errores, discreta y segura de mamíferos, peces, aves, anfibios, reptiles y moluscos entre otros. (Rodeles, Galicia, & Miranda, 2017), mencionan que vienen siendo usados para los siguientes fines: estudio de poblaciones, programa de mejoramiento genético, control de epidemias, estudio de comportamientos, estudios de migración mediante la instalación de detectores en escalas de remonta o zonas de paso obligado, control del comercio ilegal de especies protegidas, prevención del abandono de animales domésticos.

Para el estudio de las poblaciones de animales a medio y largo plazo es imprescindible tener individualizados a los animales que serán el objeto de estudio. Para ello es necesario identificar a esos animales mediante marcaje que dependiendo de la especie varían en su complejidad.

Las marcas más conocidas son las anillas, tanto metálicas como de PVC de lectura a distancia que se colocan en las patas de las aves (y otras especies como los murciélagos) y que por regla general son métodos muy sencillos ya que requieren de una manipulación muy breve y no necesitan de ningún tipo de técnica quirúrgica (Mahapatra, y otros, 2001). Pero en otras especies, debido a sus características morfológicas y de comportamiento no es posible este tipo de marcaje. Esto es lo que ocurre con los anfibios y peces, que debido a la sensibilidad de su piel y a las características de la misma hace que sea prácticamente difícil el uso de marcas externas, porque se pierden fácilmente o les provocan heridas al rozarse con su piel o sus escamas. En la mayoría de las ocasiones se marcan cientos o miles de animales para tener un tamaño de muestra suficiente (Navarro, Oliva, Zamorano, Ginés, & Afonso, 2004). Actualmente se desarrollan varios proyectos de investigación en los que se utiliza biochips para marcar a los individuos. Este biochip se tiene que introducir dentro del cuerpo del animal y posteriormente mediante el uso de un lector se podrá identificar cada marca sin necesidad de extraerlo de su cuerpo.

En los últimos años se ha avanzado mucho en el uso de este tipo de tecnologías, que han sido desarrolladas básicamente para su empleo en ganadería o como método de identificación de animales de compañía. Este avance ha permitido reducir el tamaño del biochip de forma que no interfieran en el comportamiento natural de los individuos marcados. Las marcas que se utilizan son de diferentes casas comerciales, son pequeños cilindros de cristal biocompatible de dimensiones de 9 x 1 mm dentro del cual se encuentra encapsulado el chip. Este chip es permanente, inherente y lleva programado un código único e inalterable de forma que cada individuo marcado podrá ser identificado sin ninguna confusión. Uno de los principales inconvenientes es el costo por

biochip que encarece mucho un proyecto si se tienen que marcar cientos o miles de peces (Navarro, Oliva, Zamorano, Ginés, & Afonso, 2004).

El sistema utiliza campos electromagnéticos para identificar y rastrear automáticamente las tags asociadas a los objetos. Las tags se escriben con información almacenada electrónicamente (como el código de trazabilidad). Las tags pasivas no tienen una batería interna, de ahí el término pasivas debido a que recogen la energía de las ondas de radio de interrogación de un lector RFID cercano.

Las etiquetas activas requieren una fuente de alimentación local, como una batería, y pueden funcionar a cientos de metros del lector RFID". RFID ofrece ventajas sobre los sistemas manuales o el uso de códigos de barras. A diferencia de un código de barras, la etiqueta no necesita estar dentro de la línea de visión del lector, por lo que se puede incrustar en el objeto rastreado como caja de pescado o paleta. A diferencia de los códigos de barras, que sólo se pueden leer uno a la vez, cientos de etiquetas RFID pueden ser leídas a la vez (Hernández-Cruz & Afonso, 2006).

La identificación por radiofrecuencia no requiere ver el dispositivo, las etiquetas se pueden leer siempre que estén dentro del rango del detector, la zona del implante depende de la especie, el tamaño del animal y el tamaño de la etiqueta. En casi todos los casos las tags permanecerán con el animal durante todo su ciclo de vida. El tamaño pequeño de las tags PIT prácticamente elimina el impacto negativo en los animales con poca o ninguna influencia sobre la tasa de crecimiento, el comportamiento, la salud o la susceptibilidad de los depredadores. Los sistemas de monitoreo automatizados que registran información temporal y espacial hacen que la recaptura sea innecesaria reduciendo el tiempo de manejo y el estrés para el animal (Hernández-Cruz & Afonso, 2006).

2.6 Morfometría geométrica digital

La morfometría geométrica capta la mayor cantidad de información biológica en un menor número de variables tomadas sobre la estructura anatómica que se va a estudiar, lo cual resulta en un mayor poder estadístico para evaluar visual y analíticamente las diferencias de conformación de las estructuras biológicas (Rohlf & Marcus, 1993). Esta técnica ha demostrado su utilidad para resolver problemas taxonómicos, logrando discriminar los integrantes de una especie en particular de otros que no lo son. Además, puede ser empleada para asignar un individuo desconocido a su grupo o especie más probable (Dujardin, 2004).

El análisis de la morfometría como técnica ha sido ampliamente utilizado con resultados satisfactorios principalmente en la determinación de procesos micro evolutivos en varias especies de importancia comercial (Hernández, Sepúlveda, & Miranda, 1998).

La morfometría examina el tamaño y la forma del pez usando un rasgo medible, tal como son la longitud estándar, longitud total, altura del cuerpo, distancias entre aletas entre otras mediciones. A menudo se utilizan para clasificar los taxones, a veces hasta el nivel de especie o nivel de sub-especies. Antes de modernas técnicas genéticas, los caracteres morfométricos fueron el fundamento principal para la taxonomía y sistemática de peces. Incluso hoy en día, caracteres morfométricos se utilizan comúnmente para la identificación de especies y análisis genéticos. Teóricamente esta caracterización sistemática de la geometría de la forma del pez, aumenta la posibilidad de extraer diferencias morfométricas con un significado biológico dentro y entre especies (Fitzgerald, Nanson, Todd, & Davis, 2002).

Los trabajos que establecieron la base teórica de la morfometría geométrica aparecieron en los años ochenta: (Bookstein, 1984), propuso la descripción de la forma mediante coordenadas

cartesianas que permitían visualizar las diferencias entre individuos y la posibilidad de aplicar pruebas t de Student para valorar la significación estadística; (Goodall, 1983), describió cómo utilizar los valores de las F en coordenadas no estandarizadas para la dimensión; y finalmente (Kendall, 1984), teorizó la existencia de un espacio de la forma (o espacio de Kendall) demostrando cómo los trabajos de Bookstein y Goodall se interpretaban en este espacio. A finales de los años 80, la estadística multivariante y la posibilidad de representar visualmente las diferencias morfológicas encontradas entre organismos hallaron su síntesis en la morfometría geométrica, que ha tomado contribución de las matemáticas, de la estadística, de la geometría no euclídea y del desarrollo de los ordenadores cada vez más potentes con la finalidad de realizar las operaciones complicadas de los cálculos necesarios.

La morfometría geométrica estudia la forma de los organismos, entendiéndose como forma (form) el conjunto de dos componentes: dimensión (size) y conformación (shape). La dimensión viene definida por el tamaño del centroide (centroid size), que constituye una estimación geométrica de la dimensión de un objeto en todas las direcciones respecto a su centroide, a diferencia de las medidas lineares entre dos puntos, y se define como la raíz cuadrada de la suma de los cuadrados de las distancias entre el centroide del objeto y cada punto homólogo (Bookstein, 1991). La conformación se caracteriza únicamente por su propiedad geométrica (la posición relativa de las coordenadas en el espacio), y a su vez está formada por un componente uniforme y otro no uniforme. La primera representa toda la diferencia de forma asociada a una escala infinita, es decir no localizada en ningún punto del objeto que se está estudiando. Forman parte de esta transformación el alargamiento (dilatación) o la compresión o bien el deslizamiento de una parte sobre la otra. Las diferencias no uniformes son aquéllas localizadas en determinadas áreas de la

configuración (Bookstein, 1996). Los métodos geométricos, los cuales se aplican a datos obtenidos en forma de coordenadas de landmarks en dos o tres dimensiones, han engendrado un especial entusiasmo porque permiten recuperar y visualizar la información espacial que no es capturada por el conjunto de medidas de distancias (Loy, 1996).

Los landmarks se pueden clasificar en tres grupos según Bookstein (1991):

- Landmarks de Tipo I: son puntos que tienen una referencia anatómica local concreta, por ejemplo el punto de encuentro de suturas. Su localización es inequívoca y repetible.
- Landmarks de Tipo II: se localizan en el punto máximo o mínimo de una curvatura u otros procesos morfogenéticos, se referencia a través de puntos anatómicos concretos. Pueden ser puntos de aplicación de fuerzas biomecánicas, incluyendo estructuras de depredación, dientes y áreas de procesos óseos donde se centran los ataques musculares.
- Landmarks de Tipo III: se encuentran en una curva o superficie y tienen definiciones como “el más craneal/rostral” o “el más distal/proximal”. Se nombran también semilandmarks (Gunz, Mitteroecker, & Bookstein, 2005).

Estos son de ayuda en la interpretación de estructuras complejas como las curvaturas de los huesos u otras estructuras anatómicas aunque no son de localización objetiva (Zelditch, Wood, Bonett, & Swiderski, 2008).

Las coordenadas de los landmarks recogen en si todas las informaciones de ángulos y distancias que antes se analizaban manualmente, no sin dificultad o con riesgo de caer en errores. Cuando se adquieren las coordenadas de los landmarks, hay que tener presente que se codifica también el tamaño del espécimen y su posición en el espacio; para obviar este inconveniente hay que

considerar siempre un patrón que nos permita comparar especímenes con tamaño y orientación diferentes (Milenkovic, Sipetic, Blagojevic, Tatovic, & Vujosevic, 2010)

Este proceso logra poner en un único sistema de coordenadas cartesianas las configuraciones de landmarks adquiridas. Las coordenadas superpuestas de los diferentes especímenes se emplean como variables de forma y se pueden analizar a través de test multivariantes normalmente empleados en estadística para definir las diferencias entre grupos. Las variables de forma son descriptores geométricos que no varían en posición, orientación y escalado (Slice, 2001). Con los métodos gráficos de estudio de Morfometría Geométrica se pueden visualizar las diferencias entre especímenes o grupos/poblacionales también a través de diagramas vectoriales que gráficamente evidencian las diferencias entre las medias de los grupos o pueden indicar, en un mismo grupo, la tendencia, por ejemplo, de asimetría. Los vectores tienen como punto de origen los puntos de consenso y a través de los instrumentos de magnificación pueden facilitar la interpretación de la forma. El software empleado en Morfometría Geométrica permite además generar dibujos como soporte en la interpretación de los resultados.

CAPÍTULO III

MATERIALES Y MÉTODOS

3.1 Lugar de investigación

3.1.1 Núcleo ESPE-Pailones

El área de estudio 1 se desarrolló en el campus de la Carrera de Ingeniería Agropecuaria IASA I, hacienda El Prado, parroquia San Fernando, cantón Rumiñahui, provincia de Pichincha (Figura 3). Geográficamente se localiza a $78^{\circ}24'44''$ LO, $0^{\circ}23'20''$ LS y 2 748 m de altitud, con una temperatura promedio de 14°C , precipitación anual 1200mm.

3.1.2 Núcleo Papallacta

El área de estudio 2 se desarrolló en Centro Nacional de Investigaciones Acuícolas ubicado en la parroquia Papallacta, cantón Quijos, provincia de Napo (Figura 3). Geográficamente se localiza a $78^{\circ}07'58''$ LO, $0^{\circ}22'01''$ LS y 3000 m de altitud, con una temperatura promedio de 10°C , precipitación anual 1560mm.

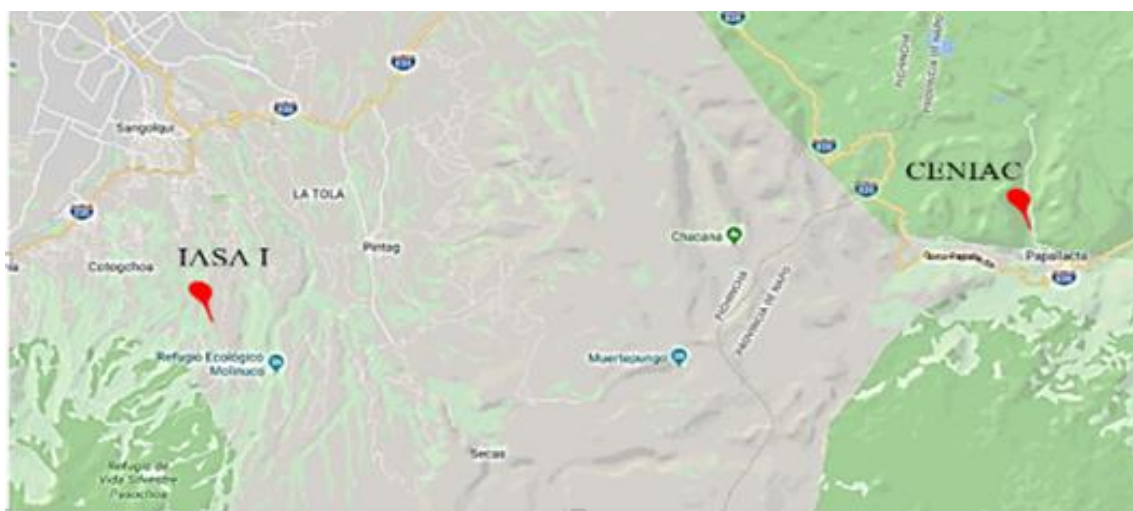


Figura 3 Mapa de ubicación proyecto de acuicultura Pailones IASA 1 y ubicación del Centro Nacional de Investigaciones Acuícolas

3.2 Familias en estudio

En la primera fase del Programa de Mejoramiento Genético CENIAC, se realizaron cruzas dirigidas de los mejores reproductores en una proporción de 1 Macho por 3 Hembras. Estas cruzas produjeron 45 familias, que fueron evaluadas para el peso y longitud por 180 días, es decir en la etapa de alevinaje e inicios de la etapa juvenil. Al final de este proceso se procedió a realizar análisis de conglomerados y dendogramas para seleccionar a las familias (selección interfamiliar), como primer parámetro de selección se tomó el Índice de condición corporal, para poder obtener peces con una buena relación peso-longitud (Valdivieso, 2018).

Después las familias restantes se seleccionaron por peso, seguido de longitud. No se tomó en cuenta la tasa de crecimiento específica, porque no se presentó diferencias significativas entre todas las familias (Valdivieso, 2018). Obteniéndose un total de 18 familias en el núcleo ESPE-Pailones y 10 familias en el núcleo Papallacta con los valores productivos más altos, cada familia se formó por 20 individuos, los cuales en el presente proyecto son objeto de selección intrafamiliar.

3.3 Seguimiento y mantenimiento de los animales F1

3.3.1 Juvenil

La etapa juvenil se desarrolló en el núcleo 1 ubicado en el proyecto piscícola Pailones, perteneciente a la Universidad de las Fuerzas Armadas – ESPE, IASA 1 y el núcleo 2 estuvo ubicado en el Centro Nacional de Investigaciones Acuícolas (CENIAC). Poseer varios núcleos asevera un mayor resguardo frente a desastres naturales, envuelve un rango más extenso de sistemas de producción y consiente efectuar una selección con otros objetivos.

En el Núcleo Papallacta que se desarrolló en la infraestructura del CENIAC se desinfectó y adecuó un estanque para alojar de forma grupal a las familias debidamente marcadas con las etiquetas digitales (Figura 4). En el CENIAC realizó una investigación previa donde se seleccionó a 10 familias que presentaron menor tasa de mortalidad y mayor ganancia de masa corporal (gramos). Manteniendo un total de 200 individuos de los cuales se tomó registros de datos morfométricos.

En el Núcleo ESPE-Pailones que se desarrolló en el proyecto piscícola Pailones del IASA, se arregló y desinfectó un estanque circular cuyas dimensiones son 2.90 m de diámetro y 1 m de profundidad, este estanque fue dividido en 2 espacios con malla en las cuales se colocó de forma grupal a las familias marcadas y un grupo de peces no marcados (Figura 4).



Figura 4 Estanques para juveniles de trucha arco iris en las instalaciones del Núcleo ESPE-Pailones y Núcleo Papallacta

La etapa juvenil terminó cuando los individuos de cada familia alcanzaron una masa corporal promedio de 100 g (Quintero, Pardo, & Quintero, 2011). Durante esta etapa se llevó un registro de la mortalidad, masa corporal y longitud. La masa corporal y la longitud son parámetros que se tomaron cada quince días.

3.3.2 Engorde

La etapa de engorde se desarrolló en el núcleo 1 y núcleo 2, en estanques rectangulares. Tienen la ventaja que ocupan menos espacio, pero son menos eficientes, especialmente en lo relacionado con el aseo, pues es necesario limpiarlos adecuada y periódicamente para eliminar los sedimentos y restos de alimento (Figura 5).



Figura 5 Estanques para engorde de trucha arco iris en las instalaciones del Núcleo ESPE-Pailones y Núcleo Papallacta

La fase de engorde terminó cuando los individuos de cada familia alcanzaron una masa corporal promedio de 200 g (Corral, Grizel, Montes, & Polanco, 2000). Durante esta etapa se llevó un registro de la mortalidad, peso y longitud. El peso y la longitud son parámetros que se tomaron cada quince días. Una vez alcanzada la masa corporal deseada (200 g) se escogieron los individuos de cada familia de trucha arco iris que mostraron características superiores desde la etapa de juvenil hasta la etapa de engorde para variables comerciales y bioproductivas.

3.3.3 Alimentación

La alimentación es un factor importante que se tomó en cuenta en todas las etapas del ciclo de vida de la trucha, y en cada una de ellas los requerimientos nutricionales cambian, principalmente en la composición proteica (Blanco, 1995). La suministración de la dieta se manejó de acuerdo a la siguiente tabla:

Tabla 3
Nutrición de la trucha en sus diferentes etapas

Nutriente	Juveniles	Adultos
Proteína	40 – 50 %	35 – 40 %
Carbohidratos	9 – 12 %	9 – 12 %
Lípidos	12 – 16 %	10 – 16 %
Minerales	P (0.45-0.8%); Mg (0.05-0.07%); Zn (15-30 ppm); Mn (2.4-13 ppm); Cu (3-5 ppm); Co (0.1ppm); Se (0.25 ppm)	
Vitaminas (por Kg de alimento balanceado)	Vitamina A: 2.500 – 3.500; Vitamina D: 2.400 – 3.000; Vitamina E: 30 – 100; Vitamina K3: 10 – 15; Vitamina C: 100 – 300; Tiamina: 10; Riboflavina: 20; Piridoxina: 10; Biotina: 0.1 – 0.4; Ácido nicotínico: 150; Ácido pantoténico: 40 – 60; Ácido fólico: 5, Inositol: 400; Colina: 3.000; Cianocobalamina (vitamina B12): 0.01 – 0.02	
Aminoácidos (g de aminoácido por cada 100 g de proteína)	Arginina: 4.0; Histidina: 1.8; Isoleucina: 2.8; Leucina: 5; Lisina: 6; Metionina + Cistina: 3.3; Fenilalanina + Tirosina: 6; Treonina: 4.1; Triptófano: 0.6; Valina: 3.6	

Fuente: (Lovell, 2003)

La forma de alimentación cambio dependiendo de la etapa en la que se encontraba la trucha, además del diámetro del alimento balanceado por ello se manejó la tabla propuesta por (Drummond, 1988), en función del número de raciones diarias:

Tabla 4*Alimentación de la trucha en función de raciones diarias*

Tamaño del pez	Alimentación (veces)
Juveniles 15 y 25 cm	De 1 a 3 veces diarias
Adultos 25 y 35 cm	De 1 a 2 veces diarias
Reproductores más de 35 cm	1 vez por día

Fuente: (Drummond, 1988)

El alimento balanceado presento la siguiente información nutricional en su etiqueta:

Tabla 5*Información nutricional del balanceado 50%*

Análisis proximal calculado		
Proteína mínimo	50 %	Humedad Max 12 %
Grasa mínimo	10 %	
Ceniza mínimo	12 %	
Fibra mínimo	1 %	

Fuente: (Biomix, 2016)

Además presenta la fórmula cuantitativa de la siguiente manera:

Tabla 6*Fórmula cuantitativa del balanceado*

Fórmula cuantitativa Balanceado de alevines 50 %			
Producto	Nivel de inclusión	Producto	Nivel de Inclusión
Harinas marinas	75 %	Iodo	500 mg/Ton
Pasta de soya	5 %	Cobalto	100 mg/Ton
Arroz	5 %	Vit. A	5000000 UI/Ton
Maíz	4 %	Vit. D3	2500000 UI/Ton
Subproductos de industria harinera	1 %	Vit. E	100000 mg/Ton
Aceite de pescado	5 %	Vit. K3	10000 mg/Ton
Aceite vegetal	1 %	Vit. B1	20000 mg/Ton

CONTINÚA



Levadura	3 %	Vit. B2	20000 mg/Ton
Antimicótico (Ac. Propionico)	0,00 %	Vit. B6	15000 mg/Ton
Antioxidantes (BHT-Etoxiq)	0,00 %	Ácido Pantoténico	50000 mg/Ton
Hierro	50,00 mg/Ton	Ácido Nicotínico	100000 mg/Ton
Cobalto	100 mg/Ton	Biotina	1000 mg/Ton
Cobre	5,000 mg/Ton	Ácido fólico	6000 mg/Ton
Zinc	50,000 mg/Ton	Colina	150000 mg/Ton
Manganeso	15,000 mg/Ton	Vit. C	100000 mg/Ton
Pigmentos carotenos	60 mg/Ton	Inositol	100000 mg/Ton
Selenio	100 mg/Ton	Vit. B12	30 mg/Ton

Fuente: (Biomix, 2016)

Todos los alimentos balanceados utilizados en el estudio presentaron la misma composición nutricional variando únicamente el tamaño de partícula en función del estadio de crecimiento de los peces, tanto para la granulometría 3 mm y 4-5 mm.

Las dietas se dosificaron en base a la tabla sugerida por (Biomix, 2016), con una periodicidad de dos veces diarias, la tabla toma en consideración la biomasa total y el grado de conversión de pienso.

3.4 Rastreo e identificación de individuos por biochips

3.4.1 Implante de biochips

El marcaje se realiza mediante la inyección de un microchip de reducidas dimensiones (9mm) y están encapsulados en vidrio biocompatible, que responde al detector con una señal precodificada, con un código numérico o alfanumérico de identificación individual, no hay dos microchips en el mundo con el mismo código. Los peces antes de ser marcados deben ser colocados en tanques con agua, oxigenadores y anestésico para evitar molestias innecesarias al animal y para facilitar el trabajo de marcaje. Los anestésicos más utilizados son la benzocaína (etil-4-

aminobenzoato), el mesilato de tricaína (tricaina metano benzoato) y el eugenol (1ml/ 100 litros de agua). Una vez identificada el área se desinfecto, con la pistola de implantes MK25 la cual tiene un sistema de aguja de precarga con gatillo de expulsión para quitar la aguja usada de forma rápida y segura se introducido el transmisor (subcutáneo o intramuscular) en la superficie del lado izquierdo en la base anterior de la aleta dorsal (Figura 6), los peces eran estabulados en estanques de reposo también oxigenados, pero en este caso sin anestesia. Una vez recuperados (posición del cuerpo en equilibrio, apertura-cierre de agallas normal, reacción a estímulos) los individuos fueron liberados en la zona de experimentación.

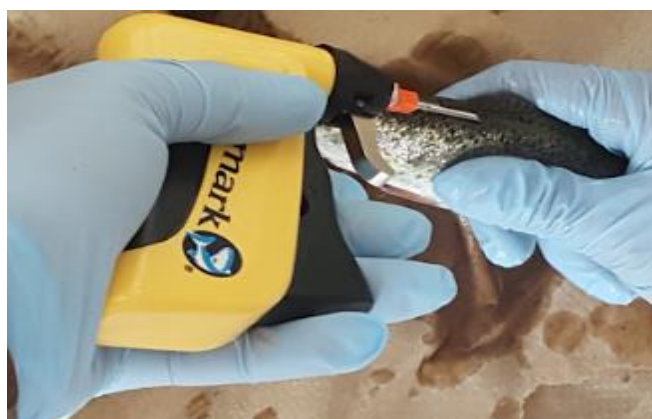


Figura 6 Implantación de biochips

3.4.2 Rastreo de biochips

Para el seguimiento individual existió la necesidad de anestésiar a los animales por sumersión en un medio de agua con eugenol (1 ml/100 litros de agua). Los animales perduraron en este medio hasta que perdieron el equilibrio, en ese momento son extraídos del medio, a continuación con el lector se realizó el monitoreo de las tags de identificación por radiofrecuencia en las poblacionales de estudio que incluyeron un método de "captura-recaptura". Consecutivamente el Software Tag Manager de Biomark, se conectó al lector y se descargó los códigos de la etiqueta a Excel, Notepad

o una tabla interna. Usando Tag Manager se logró escanear etiquetas en "*tiempo real*" en la tabla del software, así como también ingresar datos específicos (sello de fecha / hora, coordenadas GPS y otros datos definidos por el usuario) para cada etiqueta pertinente del proyecto (Biomark, 2018).

3.5 Evaluación de parámetros morfométricos

3.5.1 Masa corporal

Se seleccionaron de forma individual todos los miembros de la población, los mismos que estuvieron inmersos en una solución de eugenol para disminuir el nivel de estrés. Con una balanza electrónico se registró la masa corporal en gramos a los 230, 245, 260, 275, 290, 305, 320, 335, 350 365, 380, 395 y 410 días.

3.5.2 Longitud parcial

La medición de la longitud parcial se realizó a cada uno de los individuos de la población, utilizando una regla con escala en centímetros a los 230, 245, 260, 275, 290, 305, 320, 335, 350 365, 380, 395 y 410 días.

3.5.3 Obtención de dimensiones por morfometría digital

Las dimensiones y el análisis morfométrico fueron llevados a cabo por el software MorphoJ. En los cuales a partir de fotografías de los individuos en fondo blanco son calculados el ancho, largo, alto, tamaño de la cabeza, cola, y se realizó una comparación general de los cambios morfológicos en las familias estudiadas. Se consideró veinticinco medidas lineales (M) basadas en el protocolo de armazón (Bookstein, y otros, 1985), en el presente análisis morfométrico (Figura 4) se seleccionó 12 puntos de referencia que tienen importancia inequívoca anatómica, que se describen a continuación: (1) punta de mandíbula superior; (2) Inserción ventral entre el opérculo y la

contorno del cuerpo; (3) muesca supra occipital posterior; (4) origen de la aleta pectoral; (5) inserción anterior de la aleta dorsal; (6) origen de la aleta pélvica; (7) inserción posterior de la aleta dorsal; (9) origen de la aleta adiposa; (8 y 10) posterior e inserción anterior de la aleta anal; (11) posterior de la aleta adiposa; (12) intersección de línea lateral y membrana de aleta caudal.

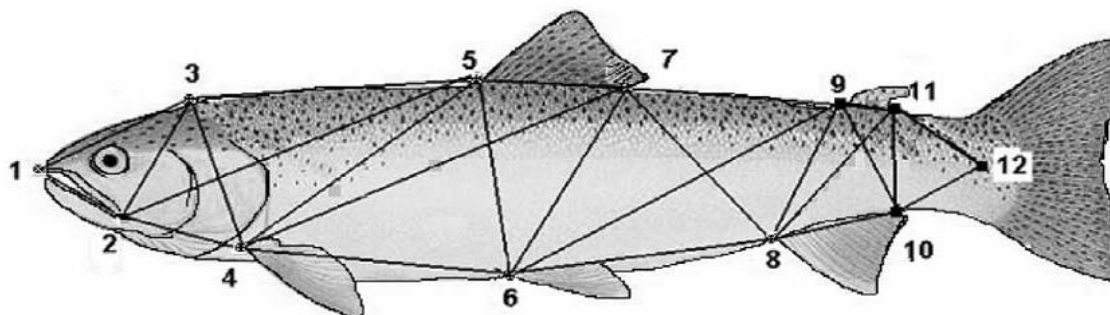


Figura 7 Puntos de referencia utilizados para los análisis morfométricos de trucha arco iris

3.5.3.1 Adquisición de Datos

Para la toma de las fotografías se empleó una foto-cámara digital NIKON® D70 (resolución de imagen 2.240 x 1.488 píxeles) equipada con una lente NIKON AF NIKKOR® (28-200mm) y mantenida en la misma posición con un trípode (Figura 8). La cámara se posicionó paralelamente al suelo tal que el eje focal de la cámara fuera paralelo al plano horizontal de referencia. Los especímenes son fotografiados al lado de una referencia para favorecer su posterior análisis digital. Para digitalizar las imágenes se empleó el software TpsUtil v.1.50 (Rohlf, 2010); los landmarks se digitalizaron dos veces en días diferentes, para reducir el error humano, se registró los datos siempre en el mismo orden y el programa usado fue el TpsDig v.2.16 y MorphoJ (Rohlf, 2010) que adquiere las coordenadas y captura los perfiles. Para el estudio de la forma se empleó las coordenadas cartesianas del Procrustes extrapoladas a través del proceso de superposición definido

por Rohlf y Slice en 1990. Este proceso permitió obtener informaciones sobre la forma pura, eliminando las que se referirán a posición, orientación y dimensión rotando y trasladando las coordenadas de los landmarks y refiriéndola a un punto de consenso. El alto nivel de aproximación de las formas de la muestra (shape space) a la forma de referencia (tangential space) ($r=0,999$) permitió concluir que no hay deformación significativa en el espacio tangencial.



Figura 8 Cámara digital NIKON D70 equipada con una lente NIKON AF NIKKO y mantenida en la misma posición con un trípode

3.6 Análisis estadístico

Las variables a medir en las familias fueron de tipo cuantitativo y se realizó un análisis univariado (estadística descriptiva) para analizar cada variable tomada en campo de modo independiente. Se usó medidas de tendencia central (media) y de dispersión (desviación estándar, coeficiente de variación, valores mínimos y máximos) para organizar los variables en gráficos que permitieron detectar tanto las familias con características sobresalientes como las familias con características inesperadas.

Para la selección de familias se realizó gráficos de distribución de frecuencias de las variables de los individuos de cada familia y también gráficos de cuartiles, para finalmente seleccionar los animales que se encuentre en los dos cuartiles superiores. Todos los gráficos y análisis fueron realizados en el programa InfoStat y Microsoft Excel.

3.7 Selección para la formación de la población base

La selección intrafamiliar se realizó en la etapa de engorde, cuando los individuos del núcleo ESPE-Pailones y Papallacta alcanzaron una masa corporal promedio de 200 gramos, para ello se procedió a analizar en cada familia el incremento de la masa corporal individual desde los días 230 hasta los 410, con lo cual se generó un diagrama de frecuencias en función de la masa corporal, consecutivamente se seleccionó a los individuos que presentaron masas corporales iguales o superiores al promedio familiar.

Posteriormente se realizó diagramas de puntos para poder seleccionar a los individuos en base a la masa corporal y a los demás parámetros como: longitud y tasa de crecimiento específico.

La mortalidad se evaluó dentro de cada familia por la diferencia entre el número inicial de individuos y el número de individuos que llegaron a la selección, esta cifra expresada en porcentaje. Sin embargo, esta no se considerado para la selección.

Además, se comprobó por morfometría geométrica digital, la homogeneidad de los animales obtenidos, de esta manera se pudo identificar individuos o familias que poseen aumento o disminución de la relación óptima entre longitud y ancho del pez, asegurando que los animales tengan la forma aceptada comercialmente (cuerpo fusiforme tipo torpedo).

También se realizó un análisis de varianza para identificar si las variables de masa corporal, longitud parcial, evaluadas en las etapas de juvenil y engorde presentaban un efecto significativo. Debido a que las variables no se ajustaron a los parámetros de homocedasticidad y normalidad se empleó un análisis de la varianza no paramétrica denominada Kruskal-Wallis al 0.05%.

3.7.1 Las variables productivas evaluadas fueron las siguientes

3.7.1.1 Mortalidad

Para el procesamiento de datos de mortalidad, se registró los individuos muertos por familia cada 15 días en los núcleos ESPE-Pailones y Papallacta. Se utilizó la siguiente fórmula:

$$\% \text{ mortalidad familiar} = \frac{\text{Número de animales muertos por familia}}{\text{Número total de animales por familia}} * 100$$

3.7.1.2 Ganancia de peso diario

Esta cuantificación nos permitió determinar la ganancia de peso diario de cada individuo. Se utilizó la siguiente fórmula:

$$\text{Ganancia de peso diario} = \frac{\text{Peso final} - \text{peso inicial}}{\text{Edad (días)}}$$

3.7.1.3 Tasa de crecimiento específico

Esta cuantificación nos dio a conocer el porcentaje de crecimiento diario de los individuos a partir de los registros del peso (quincenal). Se utilizó la siguiente fórmula:

$$\text{Tasa de crecimiento específico} = \frac{(\ln Pf - \ln Pi)}{tf - ti} * 100$$

Donde:

ln: logaritmo natural

Pf: peso final

Pi: peso inicial

tf: tiempo final

ti: tiempo inicial

3.7.1.4 Índice de condición corporal

Esta variable definió la condición del animal que desarrolló durante 410 días de investigación. Se utilizará la siguiente fórmula:

$$K = \left(\frac{W}{L^3}\right) \times 100$$

Donde:

K: Condición del individuo

W: peso corporal húmedo en gramos

L: longitud en centímetros



Figura 9 Materiales para la toma de parámetros morfométricos

CAPÍTULO IV

RESULTADO Y DISCUSIÓN

4.1 Codificación de individuos en los núcleos de mejora genética de ESPE-Pailones y Papallacta

La codificación e identificación por radiofrecuencia (RFID), fue utilizada con el fin establecer líneas de parentesco desde edades tempranas, el marcaje se realizó mediante la inyección de un microchips de 9mm, que responde al detector con una señal precodificada. En la presente investigación se utilizaron 342 microchips pasivos en el núcleo ESPE-Pailones y 200 microchips pasivos en el núcleo Papallacta.

Con la finalidad de establecer el lugar más adecuado de implántate de microchips se realizó dos tipos de implante.

Implante de microchips en el núcleo ESPE-Pailones, cuando los peces lograron una longitud parcial promedio de 118mm al día 230 se implantaron los microchips en forma subcutánea, debajo de la aleta dorsal en dirección caudal- craneal (Figura 10) con la finalidad de recuperar los microchips sin la necesidad de sacrificar al animal.



Figura 10 Implantación subcutánea de microchip en trucha arco iris

(Bravo-Córdoba, 2016), menciona que los tags pasivas tienen una vida útil que puede ser ilimitada si el microchip no sufre desperfectos, el tamaño de los transmisores están disponibles desde los 8 mm de longitud y pesos inferiores a 0.1 g, permitiendo marcar peces de longitudes superiores a los 60-70 mm sin verse prácticamente afectada la supervivencia de los mismos, lo cual concuerda con la presente investigación. Los daños que provocados al pez fueron prácticamente nulos, la retención y duración con el paso del tiempo fue adecuada. Sin embargo bajo el método de implantación subcutánea y por los movimientos de locomoción subcarangiforme (utilización de dos tercios de la masa muscular para generar ondas a lo largo de cuerpo) de los peces se generó una fricción que deterioró la dermis provocando una perforación por la cual se expulsó el microchips. El 14.57 % de los microchips (PIT tags) fueron expulsados (Figura 11) a los 15 días después de la implantación lo que concuerda con (Navarro, Oliva, Zamorano, Ginés, & Afonso, 2004), quienes mencionan que al realizar marcaje dorsal se puede perder hasta el 40% de microchips (PIT tags).



Figura 11 Daño de dermis por fricción de movimientos de locomoción subcarangiforme

Implante de microchips en el núcleo Papallacta, cuando los peces alcanzaron una longitud promedio parcial de 178 mm (350 días) se realizó la implantación de microchips. Con la finalidad de evitar pérdidas de microchips por deterioro de la dermis, se procedió a implantar de forma intramuscular. Con este método se evitó la expulsión de los microchips logrando una tasa de retención del 100%.

En los dos núcleos no se registró infección bacteriana en la zona de implante y las heridas cicatrizaron a los 8 días (Figura 12). Todo lo indicado concuerda con lo encontrado con otros autores (Bruyndoncx, Knaepkens, Meeus, Bervoets, & Eens, 2002). La tasa de supervivencia con los dos tipos de implante fue del 100% lo que concuerda con Navarro et al., (2004) quienes mencionan que en peces marcados a nivel dorsal intramuscular presentan una tasa de supervivencia similar a la descrita en la presente investigación.



Figura 12 Cicatrización de la herida de implantación intramuscular de microchip en trucha arco iris

4.2 Selección de individuos de trucha arco iris en los núcleos ESPE-Pailones y Papallacta

4.2.1 Análisis de variables productivas y morfométricas

Precedentemente a seleccionar a los individuos de las familias de trucha arco iris de los núcleos ESPE-Pailones y Papallacta se evaluaron de forma independiente las variables productivas y morfométricas registradas durante las etapas de juvenil y engorde.

4.2.1.1 Masa corporal

La masa corporal de las familias de trucha arco iris fue tomado a los 230 hasta los 410 días (Anexo1). Según la prueba estadística de comparación de medias (Kruskal Wallis, 0.05%), en la Tabla 7 se indica que las familias de trucha arco iris presentaron un efecto significativo sobre la ganancia de masa corporal tomada durante las etapas de juvenil y engorde ($p < 0.05$).

Tabla 7

Media \pm desviación estándar de la masa corporal a los 230 hasta 410 días de las poblaciones de trucha arco iris en los núcleos ESPE-Pailones y Papallacta.

Días	ESPE-Pailones			Papallacta		
	Masa corporal teórico (g)	Media (g) \pm (SD)	<i>p</i> -valor interfamiliar	Masa corporal teórico (g)	Media (g) \pm (SD)	<i>p</i> -valor interfamiliar
230	45.42	27.53 \pm 6.95	< 0.0001**	34.98	–	–
245	54.90	37.43 \pm 8.86	0.1161 ^{n.s}	42.28	–	–
260	65.61	45.43 \pm 10.82	0.0194**	50.54	–	–
275	77.63	55.24 \pm 13.06	0.0323**	59.80	–	–
290	91.04	61.76 \pm 14.51	0.0111**	70.12	–	–
305	105.91	71.1 \pm 16.46	0.0051**	81.58	–	–
320	122.32	80.85 \pm 19.19	0.0033**	94.22	–	–
335	140.34	94.37 \pm 20.65	0.0182**	108.10	–	–
350	160.05	108.65 \pm 24.34	0.0492**	123.28	93.16 \pm 16.04	< 0.0001**
365	181.52	131.91 \pm 31.29	0.0253**	139.82	118.71 \pm 20.94	< 0.0001**
380	204.83	154.83 \pm 35.56	0.0055**	157.77	156.16 \pm 26.02	< 0.0001**
395	230.06	176.79 \pm 37.68	0.0008**	177.20	191.35 \pm 34.18	< 0.0001**
410	257.27	200.2 \pm 41.28	0.0017**	198.17	205.97 \pm 35.38	< 0.0001**

* $p \leq 0.05$ n.s. no significativo

De acuerdo a la tabla anterior, a los 410 días la población de los núcleo ESPE-Pailones con 248 individuos y la población del núcleo Papallacta con 199 individuos, alcanzaron una media de masa corporal de 200.2 ± 41.28 gramos y 205.97 ± 35.38 gramos respectivamente, indicando la finalización de la etapa de engorde. Con el propósito de valorar los registros de masa corporal obtenidos en la presente investigación, se calculó la masa corporal teórica de las familias de trucha arco iris de acuerdo al número de individuos, la temperatura del agua y a las raciones alimenticias. En la Tabla 7 se muestra la masa corporal teórica y la masa corporal real de las poblaciones de trucha arco iris de los núcleos ESPE-Pailones y Papallacta durante la etapa de juvenil y engorde.

De acuerdo a la explicación de la tabla 8, en teoría la población de peces del núcleo ESPE-Pailones debió presentar una masa corporal de 257.27 gramos a los 410 días, pero la masa corporal real fue de 200.2 gramos demostrando una diferencia particular entre la masa corporal teórica y la real. Mientras que en la población de peces del núcleo Papallacta se esperaba una masa corporal de 198.7 gramos a los 410 días, pero el real fue de 205.97 gramos mostrando un ligero incremento. Según la (FAO, 2014), el carácter de crecimiento de una especie salmónida no es igual o concuerda a lo esperado, y se modifica según las condiciones de temperatura del agua, la calidad de agua, el tipo de pienso, el manejo de la sanidad acuícola, la infraestructura y el tipo de manejo realizado por los operarios.

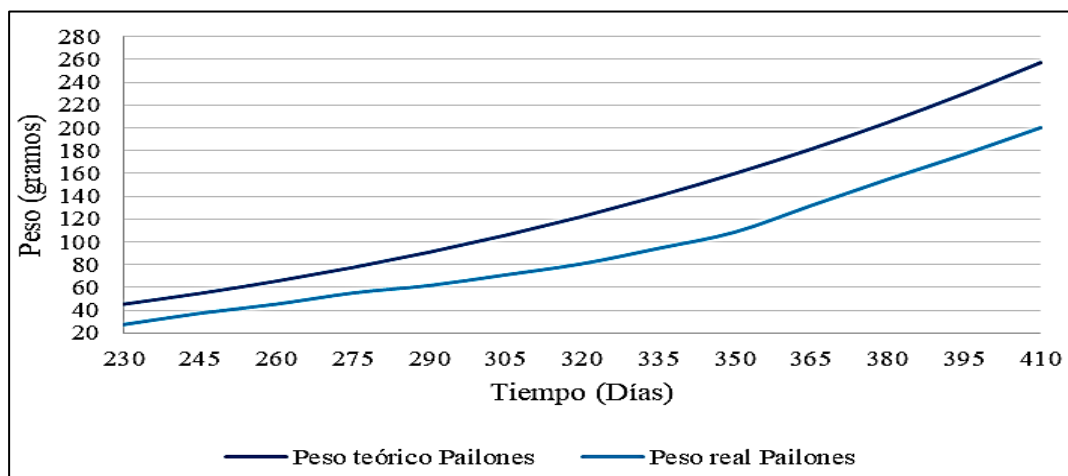


Figura 13 Curvas de crecimiento para la masa corporal promedio teórico y real de las familias de trucha arco iris de los núcleos ESPE-Pailones

Según la figura 13, la curva de crecimiento derivada de los datos teóricos reveló una tendencia logarítmica normal, mientras que la curva de crecimiento de los datos reales no se ajustó a lo teórico en trucha arco iris. Las incompatibilidades entre el ritmo de crecimiento teórico y real fueron más considerables en los animales del núcleo ESPE-Pailones debido al cambio de ambiente que sufrieron en la etapa de alevinaje y a los problemas sanitarios.

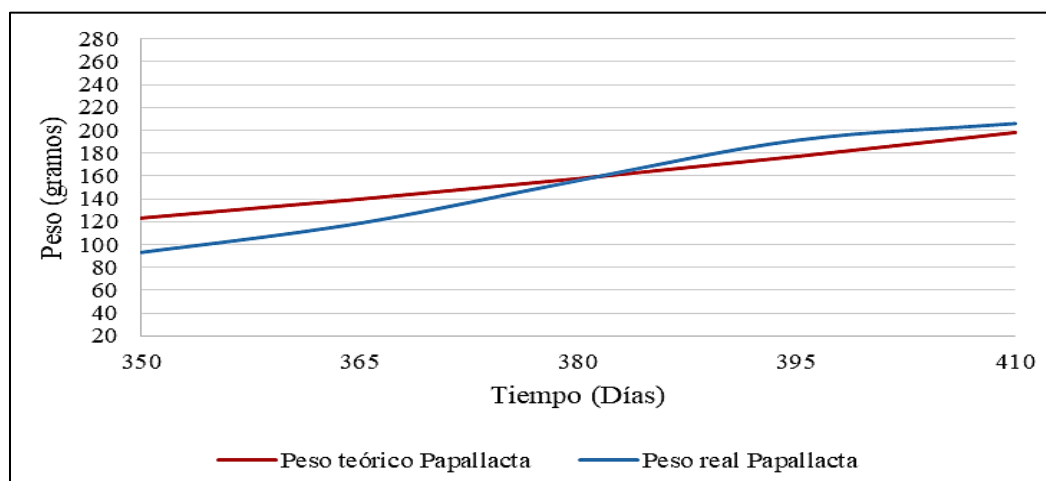


Figura 14 Curvas de crecimiento para la masa corporal promedio teórico y real de las familias de trucha arco iris de los núcleos Papallacta

En la figura 14, la curva de crecimiento de los datos teóricos y reales del núcleo Papallacta no se ajustan, en los días 380 al 410 el crecimiento aumentó. En la tabla 8 se muestra la masa corporal (g) promedio de cada familia de los núcleos ESPE-Pailones en el día 410.

Tabla 8

Medidas de dispersión para la masa corporal (g) de cada familia de trucha arco iris a los 410 días en el núcleo ESPE-Pailones

Familia	N° individuos	Media (g) ± (SD)	Rango de variación (Mín - Máx)	
2	16	242 ± 41.49	189	315
3	18	218.28 ± 38.82	143	286
8	10	194.9 ± 44.04	120	255
9	12	200.58 ± 41.81	126	261
10	12	228.58 ± 27.33	198	281
13	14	200.29 ± 35.03	137	251
17	15	203.67 ± 37.23	150	261
19	15	189.07 ± 48.73	59	259
20	16	201.81 ± 42.36	119	265
26	11	177 ± 30.14	136	237
27	14	190.36 ± 32.85	135	239
28	14	192.79 ± 46.66	122	287
38	15	190.6 ± 37.86	115	260
39	13	166.31 ± 53.4	73	242
42	14	198.93 ± 33.18	165	261
43	16	187.44 ± 27.92	145	240
47	12	196.33 ± 28.75	144	250
48	11	210.18 ± 35.27	158	280

De acuerdo con la tabla 8, la masa corporal (gramos) se ve afectada por las diferencias ambientales, nutricionales y de manejo en la etapa de alevinaje, cuando los animales fueron trasladados del núcleo Papallacta al núcleo ESPE-Pailones provocaron elevados niveles de estrés sobre los componentes reguladores de la fisiología orgánica, proceso que desató desiguales reacciones compensatorias al nuevo ambiente (fase de aclimatización) y que provocaron que determinados grupos familiares de trucha arco iris predominante en masa corporal. Los datos

generados en la presente investigación concuerdan con los estudios realizados por (Jolliffe, 2002), quien indica que un organismo bajo condiciones de estrés térmico desencadenaría una diferencia de peso de entre el 15 y el 25% en comparación con peces que no ha sido sometido a este tipo de estrés.

En la tabla 9 se muestra la masa corporal (gramos) de las 10 familias de trucha arco iris del núcleo Papallacta a los 410 días (Anexo3).

Tabla 9

Medidas de dispersión para la masa corporal (g) de cada familia de trucha arco iris a los 410 días en el núcleo Papallacta

Familia	N° individuos	Media (g) ± (SD)	Rango de variación (Min - Máx)	
2	20	227.45 ± 36.23	170	280
5	19	208.63 ± 51.91	130	300
10	20	228.35 ± 35.44	170	305
19	20	206.65 ± 27.17	155	270
23	20	182.75 ± 20.8	140	214
25	20	226.3 ± 24.71	170	277
28	20	178.9 ± 23.8	120	220
32	20	216.35 ± 31.53	145	266
43	20	185.75 ± 23.11	140	250
50	20	198.75 ± 25.62	155	241

(Martínez, Martínez, & Enríquez, 2009), menciona que a medida que aumenta la temperatura también incrementa la tasa metabólica, y viceversa. Al incrementarse la tasa metabólica también lo hace la demanda energética, por lo cual, el organismo consume una mayor cantidad de alimento, provocando que la tasa de crecimiento también se vea incrementada. Esto sucede hasta un determinado momento, en el cual la temperatura es óptima para que el organismo tenga su mayor tasa de crecimiento. A partir de ese punto, desde que la temperatura aumente, la tasa metabólica y consumo de alimento seguirán en aumento, pero la tasa de crecimiento comenzará a disminuir, ya

que, aunque el organismo consuma una mayor cantidad de energía, ésta no será utilizada para el crecimiento, sino para satisfacer las necesidades de un metabolismo acelerado. Debido a lo mencionado los individuos del núcleo ESPE-Pailones tienen un desfase en su crecimiento. Según la (FAO, 2014), la temperatura del agua es muy significativa porque regulariza el desarrollo de la masa corporal y talla de los salmónidos, debido a que estos individuos no poseen la aptitud natural para regular su temperatura corporal (poiquilotermos).

4.2.1.2 Longitud parcial

La longitud parcial de las familias de trucha arco iris fue tomada a los 230 hasta 410 días en 248 individuos del núcleo ESPE-Pailones y 199 individuos del núcleo Papallacta (Anexo 2). Según la prueba estadística de comparación de medias (Kruskal Wallis, 0.05%), en la Tabla 10 se indica que las familias de trucha arco iris presentaron un efecto significativo sobre la longitud tomada durante la etapa de engorde ($p < 0.05$).

Tabla 10

Media \pm desviación estándar de longitud parcial a los 230 hasta los 410 días de las poblaciones de trucha arco iris en los núcleos ESPE-Pailones y Papallacta.

Días	ESPE-Pailones			Papallacta		
	Longitud teórico (cm)	Media (cm) \pm (SD)	<i>p</i> -valor interfamiliar	Longitud teórico (cm)	Media (cm) \pm (SD)	<i>p</i> -valor interfamiliar
230	11.5	11.83 \pm 1.15	< 0.0001**	–	–	–
245	13	12.77 \pm 1.17	0.0901 ^{n.s}	–	–	–
260	14	13.19 \pm 1.17	0.0785 ^{n.s}	–	–	–
275	15	14.4 \pm 1.31	0.1222 ^{n.s}	–	–	–
290	15.5	15.01 \pm 1.35	0.0936 ^{n.s}	–	–	–
305	16.5	15.46 \pm 1.34	0.0896 ^{n.s}	–	–	–
320	17	15.95 \pm 1.4	0.0783 ^{n.s}	–	–	–
335	18	17.44 \pm 1.42	0.1049 ^{n.s}	–	–	–
350	19	18.57 \pm 1.61	0.0896 ^{n.s}	18	17.82 \pm 1.01	< 0.0001**

CONTINÚA



365	21	19.51 ± 1.7	0.0294**	20	18.76 ± 1.13	< 0.0001**
380	22	20.35 ± 1.79	0.0241**	22	19.72 ± 1.23	< 0.0001**
395	23	21.14 ± 1.8	0.0076**	24	21.42 ± 1.27	< 0.0001**
410	24.5	21.89 ± 1.88	0.0021**	24.5	22.30 ± 1.30	< 0.0001**

*p≤0.05 n.s. no significativo

De acuerdo a la tabla anterior, cuando finalizó la etapa de engorde las poblaciones de trucha arco iris de los núcleos ESPE-Pailones y Papallacta alcanzaron una longitud parcial promedio de 21.89 ± 1.88 cm y 22.30 ± 1.30 cm respectivamente. Con la propósito de evaluar los datos de longitud parcial obtenidos en la presente investigación, se calcularon las longitudes teóricas tomadas de la tabla de relación entre la longitud y el peso en ejemplares de trucha arco iris propuestos por la (FAO, 2016). En la tabla 11, en el núcleo ESPE-Pailones y Papallacta se estimó una longitud parcial de 24.5 cm a los 410 días, pero el valor real fue de 21.89 cm y 22.30cm, reflejándose una diferencia representativa entre la longitud esperada y la real. Según la FAO, 2014, las incompatibilidades entre el ritmo de crecimiento teórico y real fueron más considerables en los animales del núcleo ESPE-Pailones debido al cambio de ambiente que sufrieron en la etapa de alevinaje y a los problemas sanitarios. Mientras que el crecimiento de los animales del núcleo Papallacta tampoco se ajusta a lo esperado, y varía según las condiciones de temperatura del agua, la infraestructura y el manejo de los operarios. Como se observa en la Figura 10-11, las diferencias entre la longitud esperada y real fueron más notables a en las etapas juvenil y engorde en el núcleo Papallacta y en la etapa de engorde en núcleo ESPE-Pailones.

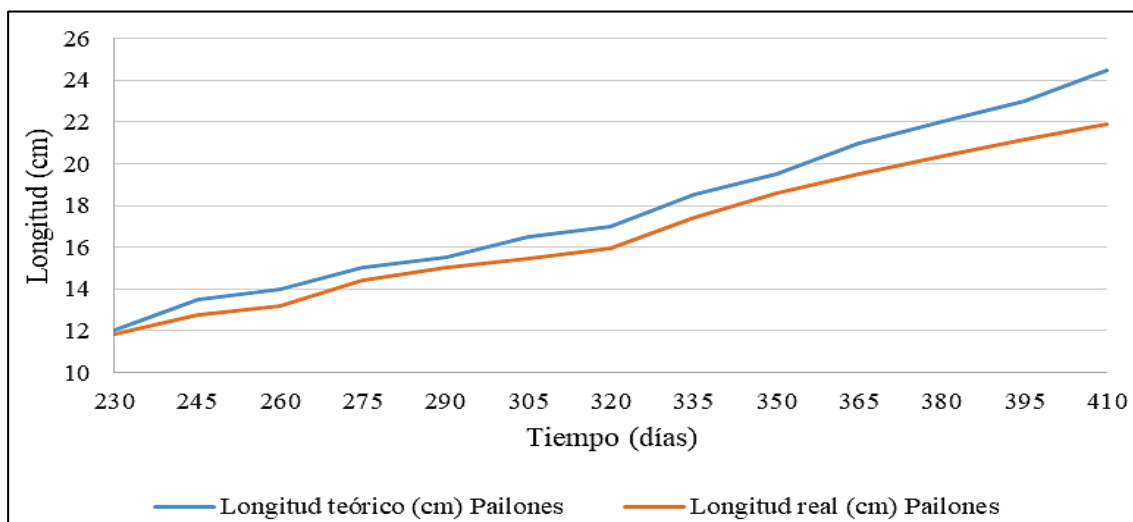


Figura 15 Curvas de crecimiento para la longitud parcial promedio teórico y real de las familias de trucha arco iris de los núcleos ESPE-Pailones

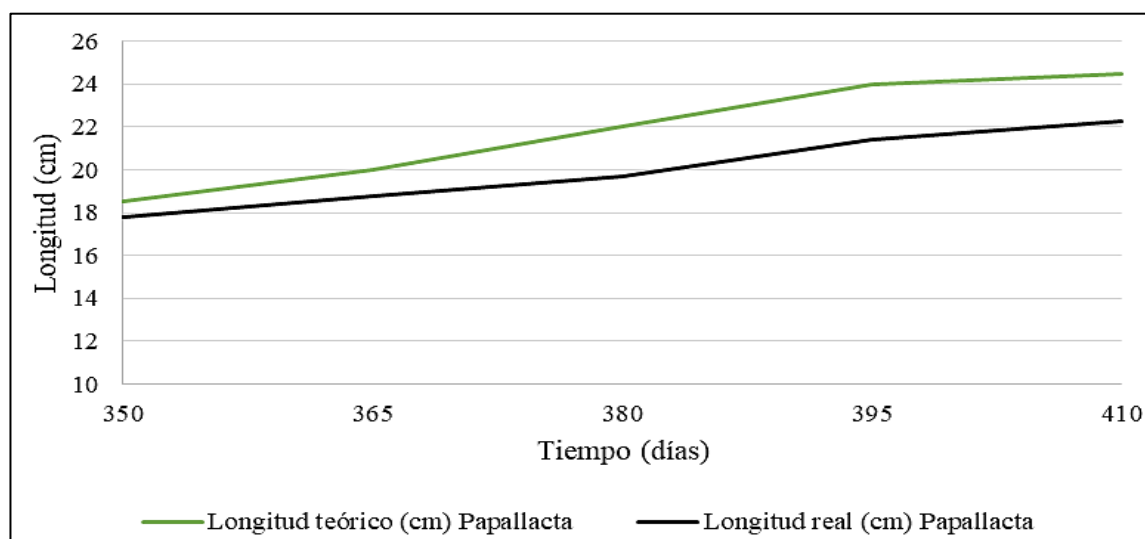


Figura 16 Curvas de crecimiento para la longitud parcial promedio teórico y real de las familias de trucha arco iris de los núcleos Papallacta

Los factores ambientales, nutricionales y de manejo en la etapa de alevinaje, cuando los animales fueron trasladados del núcleo Papallacta al núcleo ESPE-Pailones provocaron elevados niveles de estrés sobre los componentes reguladores de la fisiología orgánica, proceso que desató desiguales reacciones compensatorias al nuevo ambiente (fase de aclimatización). Según

(Barandica & Tort, 2008), los individuos que perciben un estímulo estresante, presentan un rápido aumento de la hormona de crecimiento (GH) por activación de vías adrenérgicas para una rápida movilización de energía, que dependiendo del tipo de estrés puede mantener niveles bajos de hormonas por algún tiempo, cuya controlando el crecimiento del cartílago y el desarrollo de tejidos hematopoyéticos.

4.2.1.3 Índice de condición corporal

El índice de condición corporal (ICC) fue un parámetro evaluado para la selección de los individuos a usarse como población base en el programa de mejora genética en trucha arco iris.

En la Tabla 11, se hallan los valores para el ICC analizado en 248 individuos de trucha arco iris en el núcleo ESPE-Pailones y 199 individuos en el núcleo Papallacta. El ICC para los individuos del núcleo ESPE-Pailones se mantuvo en el rango de 1.27 a 2.28, con un promedio de 1.65 y desviación estándar de 0.15; mientras que para individuos del núcleo Papallacta se mantuvieron en el rango de 1.36 a 2.0 con un promedio de 1.84 y desviación estándar de 0.11.

Tabla 11

Medidas de dispersión para el ICC de las poblaciones de trucha arco iris

Medidas de dispersión	ESPE-Pailones	Papallacta
	ICC	ICC
N	248	199
Promedio	1.65	1.62
Desviación estándar (SD)	0.15	0.11
CV (%)	9.02	6.79
Rango de variación (Min - Máx)	1.27 -2.28	1.36-2.0

El ICC se ve afectado por la edad de los peces, el género, la época del año, el período de maduración, el tipo de pienso, el consumo de pienso, porcentaje de reserva de grasa y desarrollo

muscular. En la tabla 12 y 13 se encuentran los valores del ICC analizados en cada grupo familiar de trucha arco iris del núcleo ESPE-Pailones y Papallacta respectivamente.

Tabla 12

Medidas de dispersión para el ICC de las 18 familias de trucha arco iris en el núcleo ESPE-Pailones

Familia	n	Media (%) \pm (SD)	Rango de variación (Mín - Máx)	
2	16	1.56 \pm 0.12	1.3	1.77
3	18	1.7 \pm 0.14	1.48	2.09
8	10	1.73 \pm 0.14	1.56	1.94
9	12	1.66 \pm 0.21	1.27	2.07
10	12	1.69 \pm 0.13	1.43	1.86
13	14	1.62 \pm 0.13	1.37	1.86
17	15	1.69 \pm 0.19	1.49	2.28
19	15	1.63 \pm 0.14	1.34	1.9
20	16	1.64 \pm 0.15	1.49	2.01
26	11	1.65 \pm 0.14	1.51	1.96
27	14	1.55 \pm 0.11	1.3	1.76
28	14	1.68 \pm 0.13	1.5	1.89
38	15	1.63 \pm 0.12	1.46	1.79
39	13	1.71 \pm 0.22	1.36	2.12
42	14	1.66 \pm 0.14	1.54	2.11
43	16	1.65 \pm 0.17	1.4	2.12
47	12	1.67 \pm 0.09	1.53	1.83
48	11	1.71 \pm 0.11	1.56	1.92

Tabla 13

Medidas de dispersión para el ICC de las 10 familias de trucha arco iris en el núcleo Papallacta

Familia	n	Media (%) \pm (SD)	Rango de variación (Mín - Máx)	
2	20	1.6 \pm 0.07	1.52	1.74
5	19	1.58 \pm 0.14	1.4	1.95
10	20	1.74 \pm 0.11	1.59	2
19	20	1.59 \pm 0.07	1.46	1.73

CONTINÚA



23	20	1.66± 0.07	1.48	1.78
25	20	1.61 ± 0.09	1.45	1.87
28	20	1.63 ± 0.14	1.49	1.98
32	20	1.59 ± 0.12	1.36	1.77
43	20	1.57 ± 0.09	1.4	1.76
50	20	1.62 ± 0.08	1.5	1.77

El ICC de las familias de trucha arco iris fue calculado en el núcleo ESPE-Pailones y núcleo Papallacta a los 410 días (Anexo). Según la prueba estadística de comparación de medias (Kruskal Wallis, 0.05%), en la Tabla 14 se indica que las familias de trucha arco iris no presentaron un efecto significativo sobre el ICC calculado durante la etapa de engorde ($p < 0.05$).

Tabla 14

Media ± desviación estándar del ICC calculado a los 410 días de las familias de trucha arco iris de los núcleos ESPE-Pailones y Papallacta

Días	Ubicación	Media ± (SD)	p-valor
410	Pailones	1.65 ± 0.15	0.0711n.s
410	Papallacta	1.62 ± 0.11	<0,0001*

* $p \leq 0,05$; n.s. no significativo

En base a la tabla anterior el ICC fue de 1.65 y 1.62 % a los 410 días en los núcleos ESPE-Pailones y Papallacta respectivamente. Según los estándares propuestos por Barnham & Baxter (2003), el ICC promedio de los núcleos se ajustó al estándar 1 (Tabla 15) que agrupa a “peces de excelente condición. En la tabla 15 se describen los estándares de referencia para evaluar el ICC en trucha arco iris.

Tabla 15
Parámetros para evaluar el ICC en trucha arco iris

Estándar	Valor K	Apariencia física
1	1.6	Excelente condición, pez tipo trofeo
2	1.4	Un pez apropiado, bien proporcionado
3	1.2	Un pez justo, de condición aceptable para muchos pescadores
4	1.0	Un pez pobre, largo y delgado
5	0.8	Pez extremadamente pobre, parecido a un <i>Thyrsites</i> atún; cabeza grande y cuerpo estrecho y delgado

Fuente: (Barnham & Baxter, 2003)

Según (Barnham & Baxter, 2003), establecen estándares para categorizar el ICC de salmónidos, en la presente investigación el ICC de trucha arco iris de los núcleos ESPE-Pailones y Papallacta se ajustaron al estándar 1 que congrega a peces de excelente condición tipo trofeo, esto concuerda con la investigación fase 1 del Proyecto de mejora genética CENIAC-Papallacta realizado por (Valdivieso, 2018), quien menciona que los grupos familiares seleccionados en etapa de alevinaje sobresalieron del resto de la población con un ICC de 1.35%.

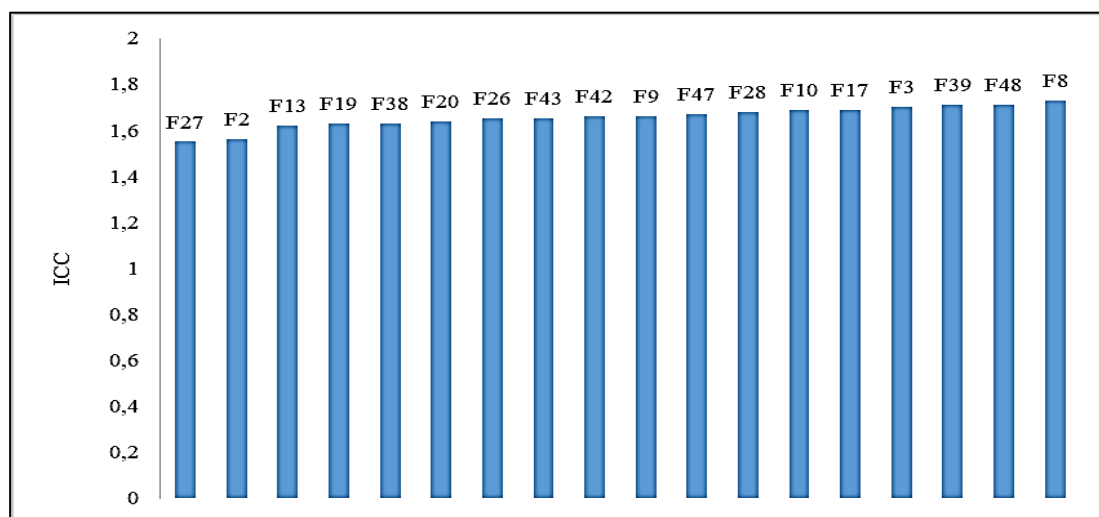


Figura 17 Índice de Condición Corporal de las 18 familias de trucha arco iris a los 410 días en el núcleo ESPE-Pailones

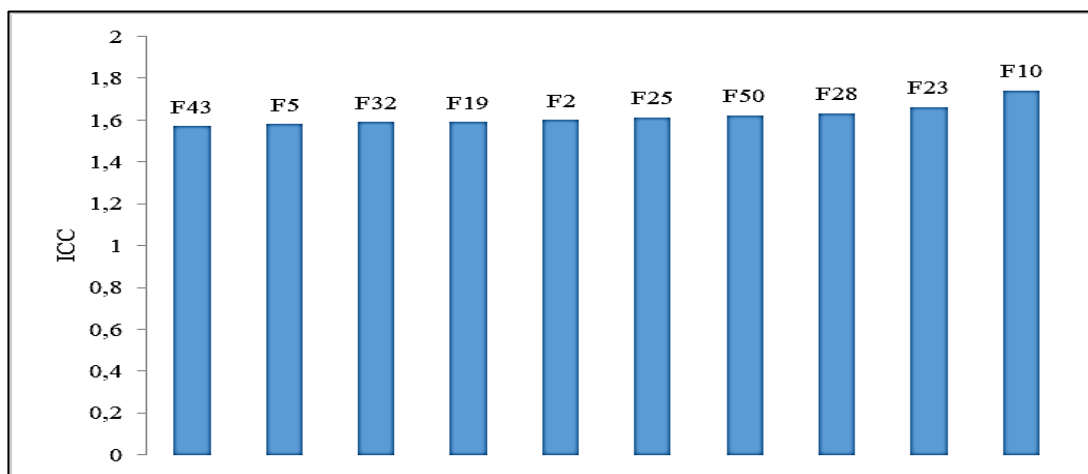


Figura 18 Índice de Condición Corporal de las 10 familias de trucha arco iris a los 410 días en el núcleo Papallacta

Como se observa en la figura 17, el valor del ICC en las 18 familias de trucha arco iris del núcleo ESPE-Pailones no presenta diferencia ($F=1.38$; $p = 0.1470$), mientras que en la figura 18, el valor del ICC de las 10 familias del núcleo Papallacta presentaron diferencia significativa ($F= 0.05$; $p = <0.0001$), el promedio más alto para el ICC 1.74% obtuvo la familia 10. (Arias, 1980), menciona que el índice de condición corporal es la relación entre la talla y el peso y que este se ve afectado por el ambiente en el que sean criados los individuos, variaciones que según el mismo autor se deben tanto a las características propias de cada estanque (superficie, profundidad, abundancia de presas alimenticias), como al régimen de funcionamiento (densidad de peces, renovación de agua) de los mismos. Según (Froese, 2006), los lotes de peces que reflejan un aumento progresivo de la masa corporal desde el inicio del proceso de producción tendrán una mayor ganancia en peso, proporcional a cierta potencia de longitud.

4.2.1.4 Tasa de crecimiento específico (TCE)

La tasa de crecimiento específico de las poblaciones de trucha arco iris de los núcleos ESPE-Pailones y Papallacta con 248 y 199 individuos respectivamente, fue calculado cada quince días. Según la prueba estadística de comparación de medias (Kruskal Wallis, 0.05%), en la Tabla 16 se indica que la población de trucha arco iris del núcleo ESPE-Pailones no presentaron un efecto significativo sobre la TCE (%) calculada durante la etapa engorde ($p < 0.05$), esto concuerda con (Valdivieso, 2018), quien no encontró un efecto significativo de este parámetro en la misma población de peces. Mientras que la población de peces del núcleo Papallacta presentó diferencia significativa en la etapa de engorde ($p < 0.05$).

Tabla 16

Media \pm error estándar del calculado TCE (%) desde el día 230 hasta 410 en un intervalo de 15 días, de las familias de trucha arco iris de los núcleos ESPE-Pailones y Papallacta

Días	ESPE-Pailones		Papallacta	
	Media (%) \pm (SD)	<i>p</i> -valor	Media (%) \pm (SD)	<i>p</i> -valor
230-245	1.99 \pm 0.87	<0.0001*	–	–
245-260	1.29 \pm 0.58	0.1044n.s.	–	–
260-275	1.28 \pm 0.42	0.1739n.s.	–	–
275-290	0.72 \pm 0.32	0.0611n.s.	–	–
290-305	0.93 \pm 0.26	0.0049*	–	–
305-320	0.87 \pm 0.26	0.0014*	–	–
320-335	0.91 \pm 0.39	0.1532n.s.	–	–
335-350	0.93 \pm 0.32	0.3404n.s.	–	–
350-365	1.29 \pm 0.47	0.1249n.s.	1.61 \pm 0.62	0.0147*
365-380	1.06 \pm 0.39	0.2742n.s.	1.84 \pm 0.59	0.6076n.s.
380-395	0.86 \pm 0.29	0.0439*	1.34 \pm 0.45	<0.0001*
395-410	0.83 \pm 0.24	0.5234n.s.	0.50 \pm 0.23	0.0128*

* $p \leq 0.05$ n.s. no significativo

Los resultados anteriores concuerdan con los presentados por (Christiansen & Lückstädt, 2008), mencionan que los salmónidos tienen una tasa de crecimiento específico de 0.68-0.83 % /día, lo que muestra que la población de peces del núcleo ESPE-Pailones está dentro del rango de aceptación. El problema con la tasa de crecimiento específica es que disminuyen a medida que aumenta el peso de los peces, por lo que subestima el peso ganado entre el peso inicial y el final, y sobrestima la predicción de peso para pesos superiores al peso final utilizado. La tasa de crecimiento de los salmónidos depende esencialmente de la edad, y de factores como la temperatura del agua, la calidad y la cantidad de pienso suministrado.

4.2.1.5 Tasa de mortalidad

Los registros de mortalidad fueron tomados en ambos núcleos, núcleo ESPE-Pailones desde el día 230 al 410, mientras que en el núcleo Papallacta desde el día 350 hasta 410. En la Figura 14 se indica que la tasa de mortalidad en el núcleo ESPE-Pailones.

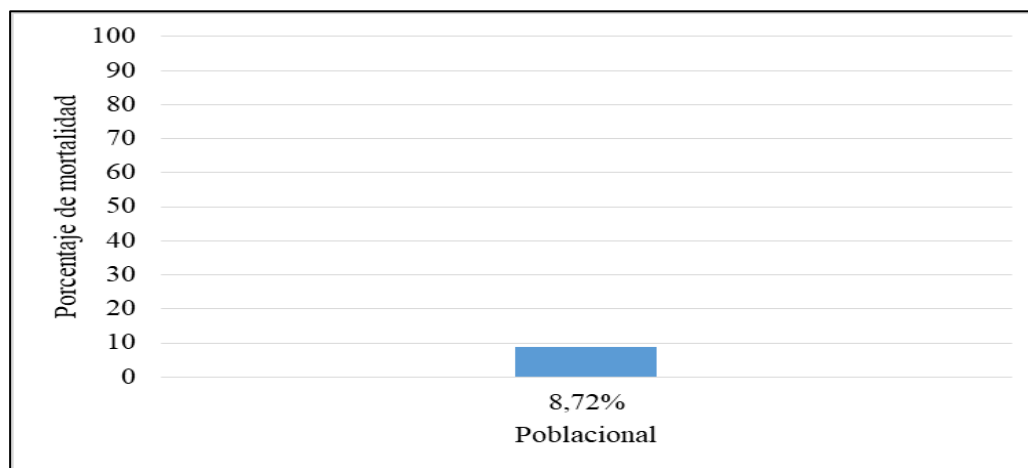


Figura 19 Tasa de mortalidad de las familias de trucha arco iris del núcleo ESPE-Pailones

Según la Figura 19, en el núcleo Pailones no se estimó una mortalidad familiar por problemas en la codificación, se registró una mortalidad población de 8.72%. Estos resultados sobrepasaron el 5% considerado como valor máximo aceptable de mortalidad durante la etapa de juvenil y engorde (Ortiz, Pérez, & Giacometti, 2015). Mientras que la tasa de mortalidad del núcleo concuerda con Valdivieso (2018) que registró en la etapa de alevinaje una mortalidad de 7,50% en la respectiva población, el espacio físico y en la densidad animal de cada familia fueron las causas principales de las elevadas tasas de mortalidad.

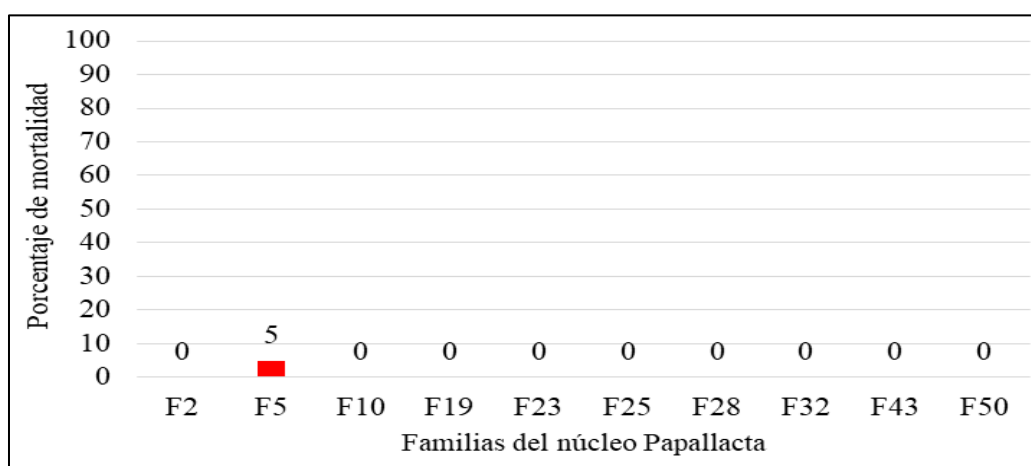


Figura 20 Tasa de mortalidad de las familias de trucha arco iris del núcleo Papallacta

En la figura 20 la tasa de mortalidad del núcleo Papallacta concuerda con el valor máximo aceptable de 5% descrito por (Ortiz, Pérez, & Giacometti, 2015). Las incompatibilidades en las instalaciones, y el traslado de los animales a un entorno diferente en la etapa de alevinaje género deficiencias en el sistema inmunológico reduciendo las tasas metabólicas hasta que estas alcancen un equilibrio. También lo que ocasiono la elevada tasa de mortalidad fueron enfermedades bacterias y hongos que deterioraron el tejido epitelial causando heridas graves en el cuerpo, esto

concuerta con los datos obtenidos por (Fernández, 2013), quien asevera que *Flavobacterium culumnaris* secreta potentes enzimas que le posibilitan atacar y destruir de forma severa la piel, branquias y aletas, especialmente el pedúnculo caudal, lo cual se relacionó a su principal manifestación clínica: severas erosiones y úlceras en estos tejidos. Debido a que la capa de moco del pez es una herramienta muy importante para su defensa, su alteración en las labores de manipulación, es el principal factor predisponente. Los baños con sal ayudaron a disminuir su presencia, especialmente al estimular una mayor secreción de moco.

4.2.2 Análisis de morfometría geométrica digital

Los datos recopilados se analizaron mediante el Análisis de componente principal (CPA). Las familias de peces se capturaron en una imagen sin procesar y se procesaron para construir en tps.file (utilizando el software TpsUtil y tpsDig2) antes de ser analizados en el software MorphoJ.

Todos los análisis estadísticos fueron llevados a cabo con el software para datos morfométricos MorphoJ (Klingenberg, 2011). Para evaluar el error de medida intra-observador se digitalizaron las mismas configuraciones en 2 ocasiones, sin incluir los landmarks. Con estas coordenadas se realizó un Procrustes ANOVA (Palmer, 1994; Klingenberg & McIntyre, 1998).

El análisis de Parcial Least Square (PLS) que se muestra en la Figura 21 y22 es un análisis común que se realiza para observar el patrón de variación entre dos o más conjuntos de variables. Sin embargo, en este estudio, dado que es un dato preliminar, se incluyeron varios análisis diferentes, de modo que todos los resultados se puedan combinar para proporcionar una comprensión integral de la integración en la estructura en estudio.

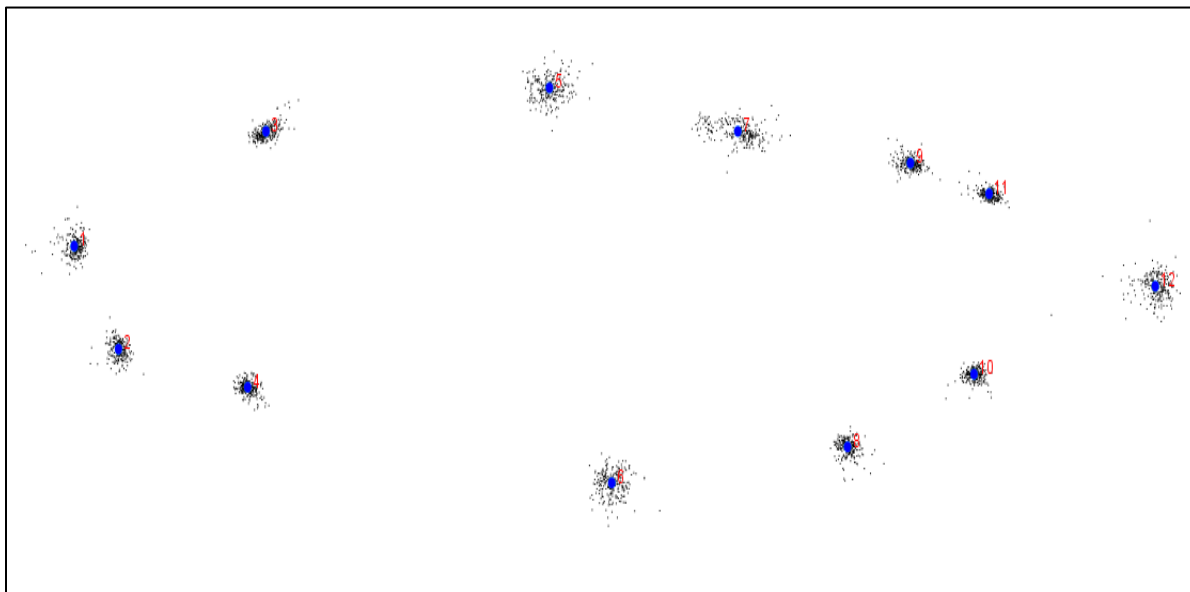


Figura 21 PLS Dentro de una configuración de puntos de referencia del Núcleo ESPE-Pailones

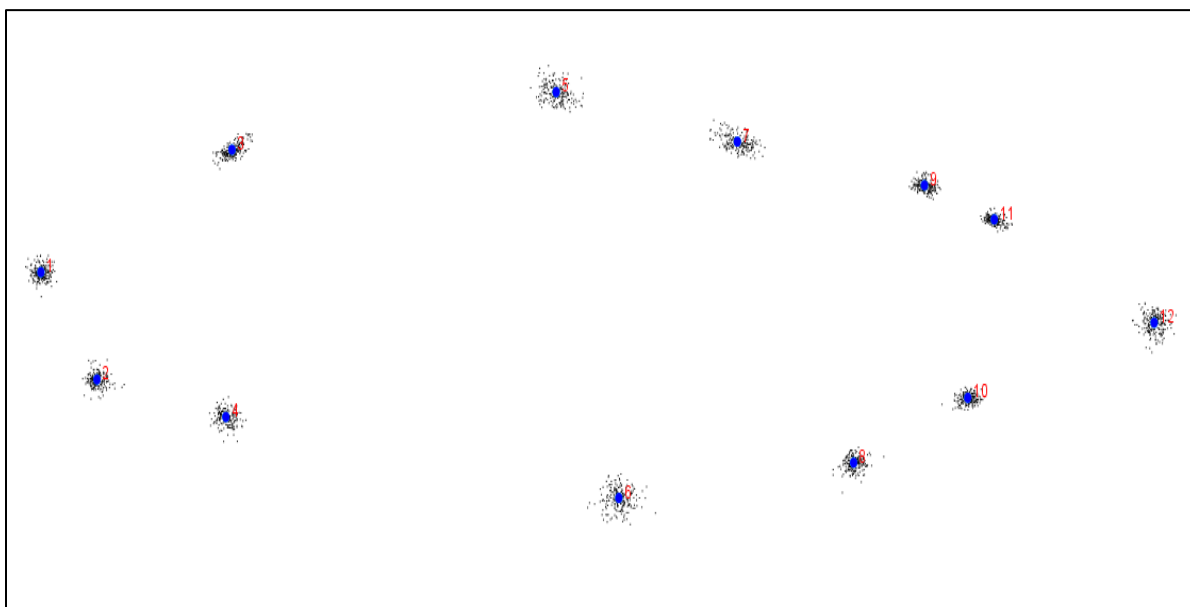


Figura 22 PLS Dentro de una configuración de puntos de referencia del Núcleo Papallacta

Según (Goswami & Polly, 2010) y también (Zelditch, Swiderski, & Sheets, 2012) los métodos que se utilizan habitualmente son las herramientas estándar de la morfometría geométrica, consideradas el análisis de componentes principales; Mientras tanto, otros métodos especializados

fueron desarrollados específicamente para este propósito. Por lo tanto, la visión general se centrará únicamente en los métodos de landmarks.

4.2.2.1 Morfometría geométrica

Se capturó un total de 248 individuos del núcleo ESPE-Pailones y 199 individuos del núcleo Papallacta. Los individuos pertenecían a 18 y 10 grupos familiares de trucha arco iris. A partir del análisis de componentes principales para 24 coordenadas de los 12 landmarks se obtuvieron 20 componentes principales (PC). Las primeras 4 componentes explicaron el 65.84% de la varianza total en el cuerpo de los peces del núcleo ESPE-Pailones (Tabla 18), la primera con 28.24%, la segunda con 14.2%, la tercera 13.54% y el cuarto 9.87% (Figura 23). Mientras que en el núcleo Papallacta las primeras 4 componentes explicaron el 59.78% de la varianza total en el cuerpo de los peces (Tabla 18), la primera con 24.1%, la segunda con 15.4%, la tercera 10.19% y el cuarto 10.11% (Figura 24).

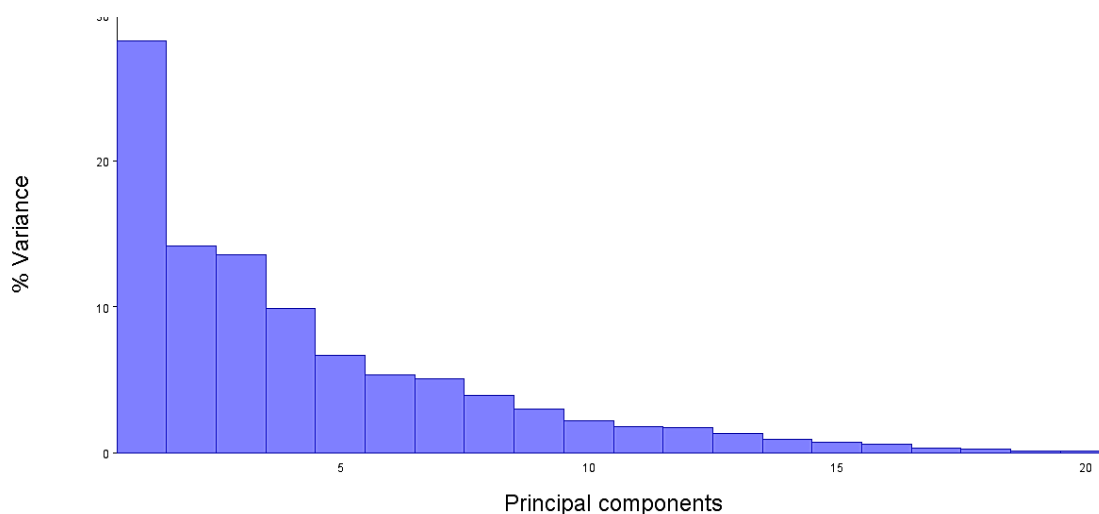


Figura 23 Puntuaciones de los componentes principales del núcleo ESPE-Pailones

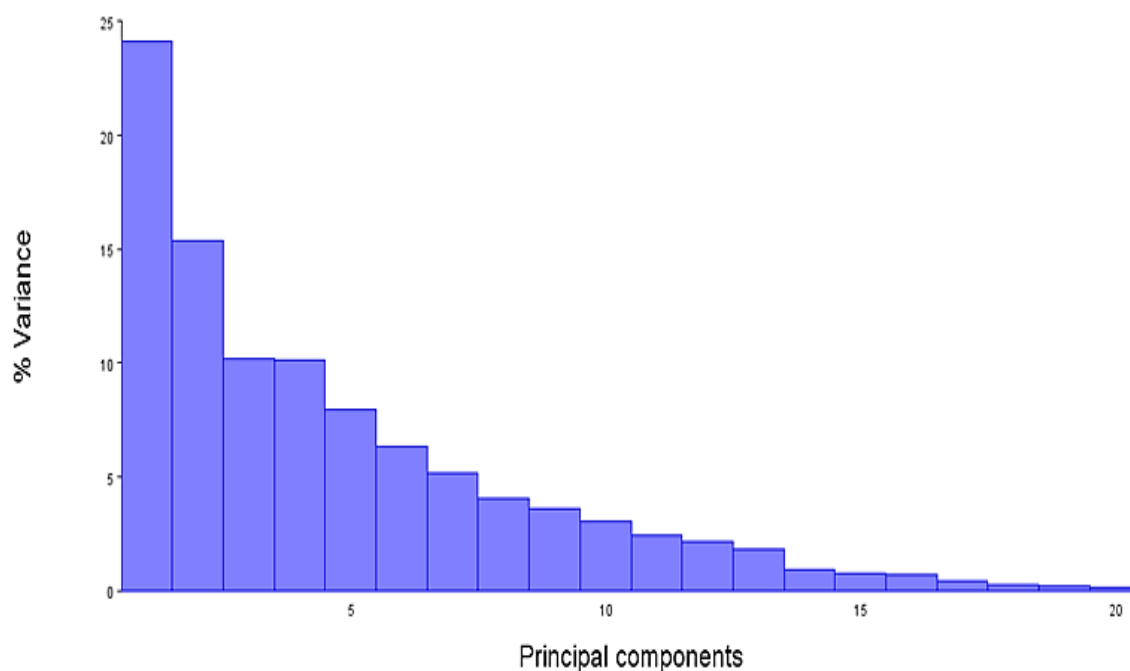


Figura 24 Puntuaciones de los componentes principales del núcleo Papallacta

En la componente principal 1 de la población de peces del núcleo ESPE-Pailones y Papallacta, la forma del cuerpo varió desde una región cefálica normal a una región cefálica alargada, en la región troncal la variación más prominente fue la longitud de la aleta dorsal y en la región caudal se presentó una variación al final del pedúnculo caudal. Los landmarks que acumularon mayor varianza para esta componente estuvieron relacionados con la punta de la mandíbula superior, muesca supra occipital posterior, origen de la aleta pectoral, inserción anterior y posterior de aleta dorsal e intersección de línea lateral y membrana de aleta caudal (landmarks 1, 3, 4, 5, 7, 12) (Tabla 17). En el caso de la componente principal 2, se observan que la región cefálica también se alargó, la región troncal presentó una variación en la posición de la aleta dorsal, mientras que la región caudal varió en la posición de la aleta adiposa y la intersección de línea lateral y membrana de aleta

caudal. Al igual que la componente principal 1, los landmarks que acumularon mayor varianza para esta componente fueron los landmarks 1, 2, 3, 5, 7, 9, 10 y 12 (Tabla 17).

Tabla 17

Análisis de componentes principales en el análisis morfométrico para la población de trucha arco iris del núcleo ESPE-Pailones y Papallacta. Se indican las proporciones de cada componente para explicar las diferencias morfométricas entre familias

	ESPE-Pailones			Papallacta		
	Eigenvalor	% Varianza	% Varianza Acumulada	Eigenvalor	% Varianza	% Varianza Acumulada
COMP 1	0.00025676	28.235	28.235	0.00014530	24.097	24.097
COMP 2	0.00012911	14.198	42.433	0.00009280	15.391	39.488
COMP 3	0.00012313	13.54	55.973	0.00006143	10.187	49.676
COMP 4	0.00008971	9.865	65.838	0.00006094	10.106	59.782
COMP 5	0.00006065	6.67	72.508	0.00004809	7.975	67.757
COMP 6	0.00004868	5.353	77.861	0.00003836	6.361	74.118
COMP 7	0.00004583	5.04	82.901	0.00003103	5.146	79.264
COMP 8	0.00003591	3.948	86.85	0.00002458	4.076	83.340
COMP 9	0.0000274	3.013	89.862	0.00002458	3.620	86.960
COMP 10	0.00002	2.199	92.061	0.00001856	3.078	90.038
COMP 11	0.00001628	1.79	93.851	0.00001481	2.456	92.495
COMP 12	0.00001561	1.717	95.567	0.00001315	2.180	94.675
COMP 13	0.00001206	1.326	96.893	0.00001109	1.840	96.515
COMP 14	0.00000845	0.93	97.823	0.00000570	0.954	97.460
COMP 15	0.00000637	0.7	98.523	0.00000468	0.776	98.236
COMP 16	0.00000533	0.586	99.109	0.00000445	0.739	98.974
COMP 17	0.0000032	0.351	99.461	0.00000260	0.431	99.405
COMP18	0.0000026	0.286	99.747	0.00000148	0.245	99.650
COMP19	0.00000134	0.147	99.895	0.00000111	0.184	99.834
COMP 20	0.00000096	0.105	100	0.00000100	0.166	100

Tabla 18

Matriz de estructura de las cuatro primeras componentes principales para las coordenadas de los 12 landmarks utilizados en los peces de los núcleos ESPE-Pailones y Papallacta

	ESPE-Pailones				Papallacta			
	PC1	PC2	PC3	PC4	PC1	PC2	PC3	PC4
x1	-0.15511	-0.19705	-0.191422	-0.123805	-0.144411	-0.244263	-0.14305	-0.23475
y1	-0.00738	-0.27328	0.085377	0.276678	0.081457	0.001874	-0.08114	-0.18280
x2	-0.06668	0.093067	-0.173646	-0.003006	-0.185487	-0.114145	-0.01075	-0.33118
y2	-0.05588	-0.29796	0.028902	0.064543	0.106397	-0.149353	-0.10386	-0.19409
x3	-0.12401	0.099088	-0.112246	0.370796	-0.241911	0.351411	0.07439	0.20217
y3	-0.01284	0.213579	-0.004311	0.169284	-0.129687	0.25036	0.05761	0.04432
x4	-0.10377	0.170758	-0.076695	0.083227	-0.137856	0.217877	0.18250	0.15516
y4	0.013649	-0.07954	0.008496	-0.169583	0.059748	-0.196691	-0.10342	0.03620
x5	0.098953	0.098484	0.647328	-0.263759	0.45729	-0.086521	0.2099	0.27397
y5	-0.04224	0.503198	-0.065541	0.041437	-0.216757	0.279462	-0.10386	0.04623
x6	0.067431	-0.00665	0.451868	0.024896	0.309629	0.111835	-0.74416	0.27265
y6	0.073892	0.013324	-0.017015	-0.518805	0.026669	-0.323533	0.16580	0.36358
x7	0.873734	0.019009	-0.307456	0.030954	0.472404	0.443221	0.25617	-0.30944
y7	-0.13883	0.352217	-0.033592	-0.009033	-0.239761	0.146268	-0.13501	0.1326
x8	-0.06431	-0.11671	0.208158	0.169872	0.061441	-0.225196	-0.11766	-0.0089
y8	0.020082	-0.06830	-0.019435	-0.325007	0.0739	-0.199254	0.1799	0.18871
x9	-0.05289	-0.01238	-0.10056	-0.155782	-0.058619	-0.078305	0.30624	0.15138
y9	-0.01305	0.177364	-0.013781	0.136905	-0.096032	0.188339	-0.06942	-0.02473
x10	-0.05659	-0.03437	0.084238	0.123133	-0.075481	-0.104963	-0.11396	0.02571
y10	0.071687	-0.12396	-0.014692	-0.089252	0.093186	-0.101017	0.15305	0.05337
x11	-0.08788	0.1256	-0.096571	-0.003468	-0.197189	-0.080056	0.07466	0.09552
y11	0.016269	-0.00273	0.007414	0.156904	0.011194	0.124619	-0.00205	-0.10011
x12	-0.32883	-0.23882	-0.332995	-0.253058	-0.25981	-0.190895	0.02577	-0.2923
y12	0.074672	-0.41388	0.038179	-0.325007	0.229685	-0.021075	0.0424	-0.3628

A partir de los valores de los componentes se desarrolló un análisis de ANOVA que demostró que existen diferencias significativas de la forma del cuerpo entre los grupos familiares de trucha arco iris del núcleo ESPE-Pailones (F: 1.15; p= 0.0351) y Papallacta (F: 6.31; p= <0.0001).

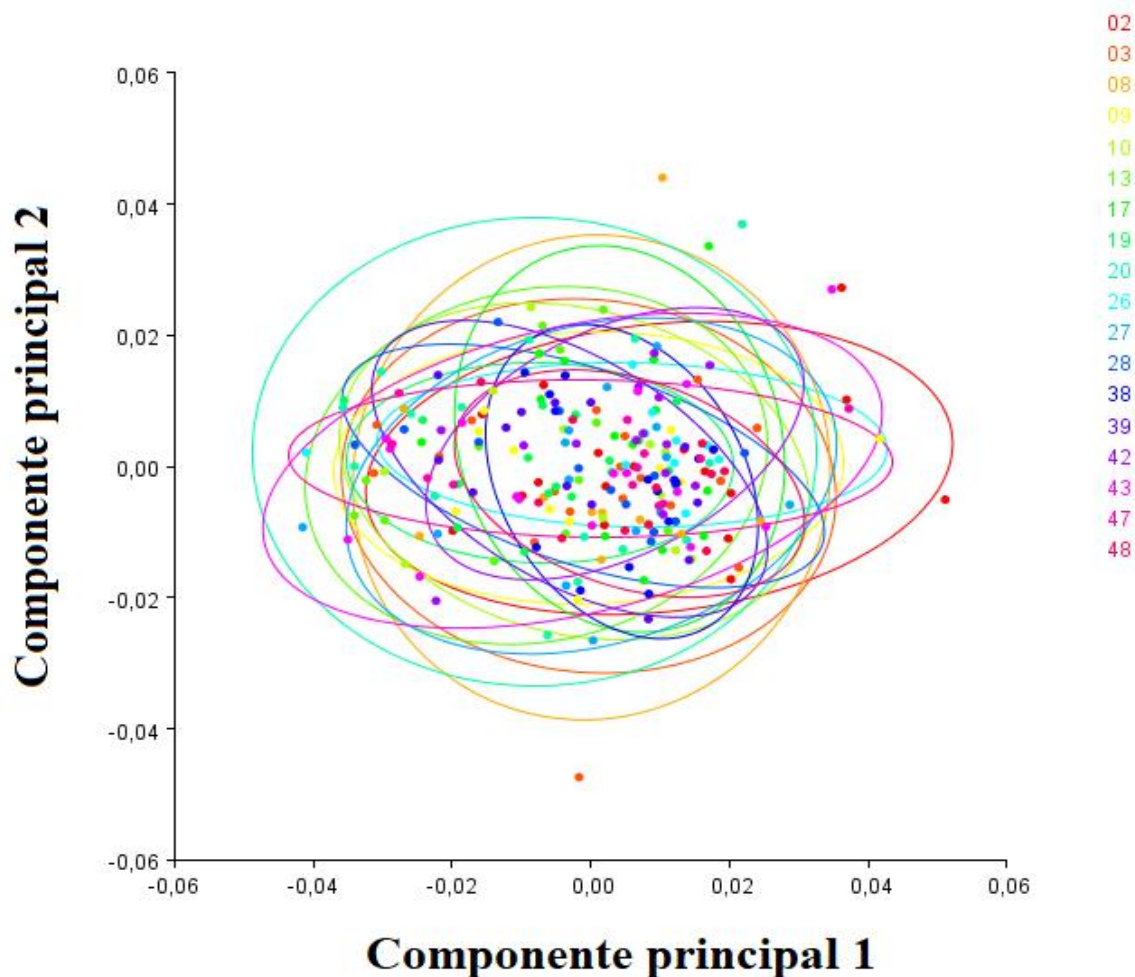


Figura 25 Representación gráfica de las dos primeras componentes del ACP para el análisis general de morfometría geométrica que incluye todas las familias de trucha arco iris del núcleo ESPE-Pailones

En la figura 25 se observa que los individuos de trucha arco iris se ajustaron a la forma del cuerpo (fusiforme tipo torpedo) de su media familiar. Con un 95 % de confiabilidad los individuos se ubican preferentemente dentro de los cuadrantes correspondientes. Sin embargo se presentaron individuos cuya forma de cuerpo varió de la media familiar y poblacional (02_982.000410631742, 02_982.000410631783, 03_982.000410631759, 08_982.000410631783, 17_982.126050242088, 20_982.000411817587, 43_982.000411817633).

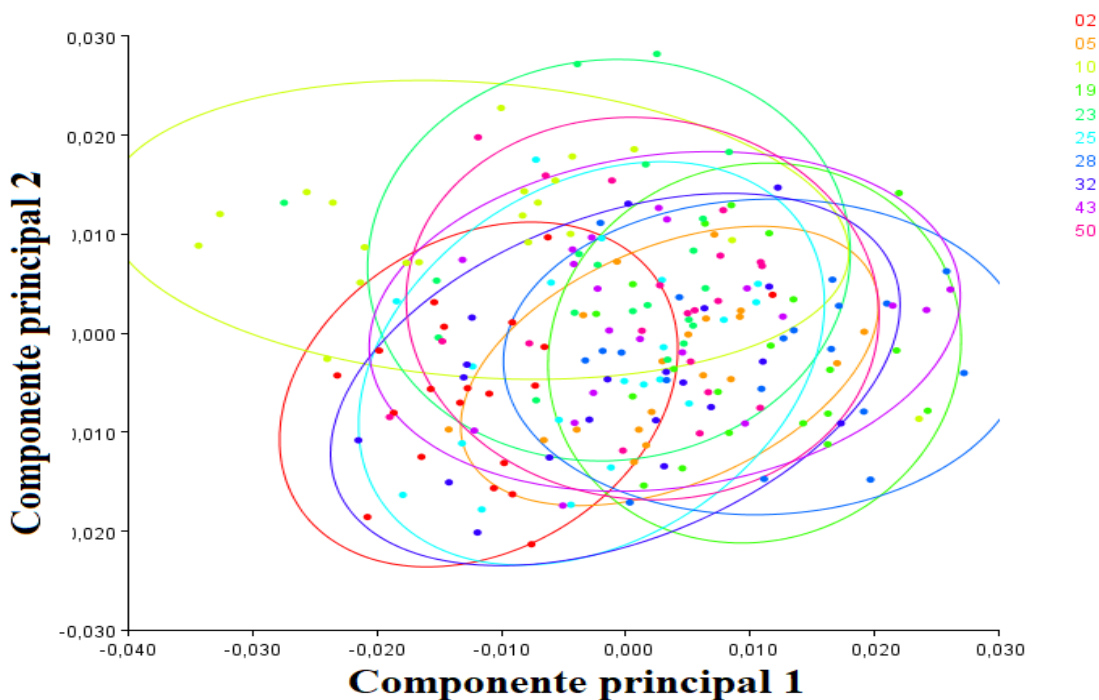


Figura 26 Representación gráfica de las dos primeras componentes del ACP para el análisis general de morfometría geométrica que incluye todas las familias de trucha arco iris del núcleo Papallacta.

En la figura 26 se observa que los individuos de trucha arco iris se ajustaron a la forma del cuerpo (fusiforme tipo torpedo) de su media familiar. Con un 95 % de confiabilidad los individuos se ubican preferentemente dentro de los cuadrantes correspondientes. Sin embargo se presentaron individuos cuya forma de cuerpo vario de la media familiar (10_982.000411817862, 23_982.000411817932, 25_982.126050241589, 32_982.000411817857, 50_982.000411818395) y poblacional (23_982.000411817855, 19_982.000411817915).

Los resultados de este estudio mostraron diferencias significativas en la forma del cuerpo entre los grupos familiares de trucha arco iris de las zonas estudias basado en el análisis de componente principal, coeficiente de varianza, porcentaje de varianza acumulada y Procrustes Anova. Las mayores diferencias estaban en la distancia de la punta de la mandíbula superior a la muesca supra

occipital posterior, la longitud de la aleta dorsal, la posición de la aleta pectoral hacia la región cefálica o caudal, la longitud de la aleta adiposa y la posición de la intersección de línea lateral y membrana de aleta caudal. Estas características coinciden con el estudio descrito por (Wimberger, 1992), donde determinó que la morfología en la forma del cuerpo es una respuesta a diferentes condiciones ambientales, lo que quiere decir que tienen un cuerpo más profundo con un pedúnculo caudal más grueso, favoreciendo la velocidad y maniobrabilidad del nado. Los individuos de este estudio se ajustaron a una forma de cuerpo fusiforme tipo torpedo según (Langerhans, Layman, Langerhans, & DeWitt, 2003), una forma fusiforme hace peces aerodinámicos reduciendo el arrastre y como consecuencia disminuye el gasto energético necesario para mantener la posición en el flujo de agua, también menciona que las diferencias en la forma de la cabeza y la posición de la boca está relacionada con el tipo de alimentación. (Guill, Hood, & Heins, 2003), indica que las diferencias morfológicas en una población de una misma especie se debe a la diferenciación genética o la plasticidad fenotípica en respuesta a los parámetros ambientales de su habitat.

Además, los datos obtenidos sugieren que un estudio morfológico comparativo de poblaciones de trucha arco iris de diferentes zonas, debe considerar las variaciones morfológicas. Por lo que, (Jolliffe, 2002) y (Jalili, Eagderi, & Keivany, 2015), señalan que la aplicación de un análisis multivariado exploratorio, como el análisis de componentes principales, para conocer los patrones en un conjunto de datos, puede ayudar a comprender mejor la variación fenotípica entre los organismos. Como se muestra en este estudio, el análisis de Coeficiente de variación acumulada reveló diferencias significativas entre los grupos familiares, pero el análisis de componente principal reveló que las variaciones morfológicas involucran características que no son de interés comercial en la población. Con un 95% de confiabilidad la población de peces se ajusta a la media

de la forma del cuerpo, (Poulet, Berrebi, Crivelli, Lek, & Argillier, 2004), señala que las condiciones ambientales son más influyentes en el desarrollo temprano de los rasgos y los peces en las mismas condiciones tienden a tener características similares. Si bien la morfometría geométrica podría diferenciar poblaciones de trucha arco iris es necesario realizar estudios moleculares para la mayoría de los casos.

4.2.3 Análisis estadístico para la selección intrafamiliar de trucha arco iris de los núcleos ESPE-Pailones y Papallacta

La selección intrafamiliar se realizó a través de un diagrama de puntos tomando la media de la masa corporal (gramos) de las 18 y 10 familias de trucha arco iris de los núcleos ESPE-Pailones y Papallacta. Con la finalidad de seleccionar los individuos sobresalientes de cada una de las familias el análisis se realizó cuando la población alcanzó la masa corporal de 200g (410 días).

Para realizar la selección intrafamiliar no se tomó en cuenta la tasa de crecimiento específico (TCE) e índice de condición corporal (ICC) ya que no presentó un efecto significativo sobre las familias de trucha arco iris. Tampoco se tomó en cuenta la tasa de mortalidad porque en el núcleo ESPE-Pailones se presentaron problemas sanitarios, mientras que el núcleo Papallacta se encontró dentro de los niveles aceptables durante la etapa de engorde.

4.2.3.1 Selección intrafamiliar del núcleo ESPE-Pailones

La selección intrafamiliar se realizó cuando la población de trucha arco iris del núcleo Pailones alcanzó una media de 200 gramos de masa corporal en un tiempo de 410 días. En ella, se consideró a cada familia como una subpoblación momentánea y se seleccionó libremente dentro de cada familia. Cuando se evaluaron los peces, estos se ordenaron de mayor a menor masa corporal con lo cual se consideró los que debían mantenerse o ser excluidos. Con esta forma de selección, el

piscicultor mantiene regularmente los mejores 10, 15 o 20 peces de cada familia, al efectuarse la selección independientemente en cada familia, es posible que los peces que se conservan de una familia sean de menor tamaño que muchos de los descartados de otra familia (Tave, 1996). Se recurre a la selección intrafamiliar cuando existe una causa incontrolable importante de variación ambiental, como el momento del desove o la edad de la hembra, cuyos efectos son evidentes a nivel familiar pero no a nivel individual (Pérez, 1996). En la figura 27 se muestra un diagrama de puntos utilizados para la selección intrafamiliar, el resto de figuras se muestran en el anexo 5.

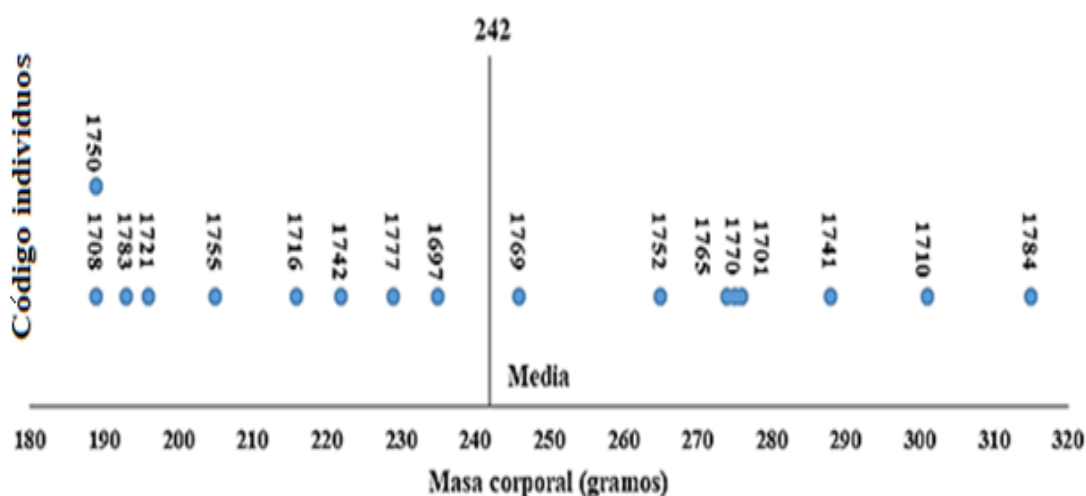


Figura 27 Diagrama de puntos de la selección intrafamiliar “Familia 2” en función de la media de masa corporal

Tomando en consideración la masa corporal promedio de 242 gramos para la familia 2, el tipo de selección utilizada en la presente investigación concuerda con (Tave, 1996), quien menciona que se reservan o descartan los peces de cada familia basándose en la media familiar, tres de los peces de la familia K que se reservaron son de menor tamaño que muchos de los peces desechados de otras familias. Por otro lado, en una familia pueden ser descartados peces con cualidades notables si no alcanzan el valor límite establecido para dicha familia (número de peces que se deben

conservar). En la tabla 19 se enlista la media de la masa corporal (gramos) de los individuos seleccionados en base al método de selección intrafamiliar.

Tabla 19

Media \pm Desviación estándar de la masa corporal (gramos) de las familias y de los individuos seleccionados del núcleo ESPE-Pailones

Familia	n total	Media familiar (g) \pm (SD)	n seleccionada	Media familiar seleccionada (g) \pm (SD)	Rango de variación individual
2	16	242 \pm 41.49	8	280 \pm 21.34	246 – 315
3	18	218.28 \pm 38.82	9	244 \pm 24.21	205 – 286
8	10	194.9 \pm 44.04	6	223.33 \pm 25.85	197 – 255
9	12	200.58 \pm 41.81	6	234.17 \pm 25.64	201 – 261
10	12	228.58 \pm 27.33	5	252.6 \pm 25.74	230 – 281
13	14	200.29 \pm 35.03	9	220.78 \pm 15.37	204 – 251
17	15	203.67 \pm 37.23	7	236.14 \pm 20.24	206 – 261
19	15	189.07 \pm 48.73	9	216 \pm 23.99	190 – 259
20	16	201.81 \pm 42.36	9	226.9 \pm 21.22	188 – 265
26	11	177 \pm 30.14	4	210 \pm 18.06	200 – 237
27	14	190.36 \pm 32.85	5	229.4 \pm 9.29	215 – 239
28	14	192.79 \pm 46.66	6	235.83 \pm 30.58	201 – 287
38	15	190.6 \pm 37.86	7	222.86 \pm 22.92	195 – 260
39	13	166.31 \pm 53.4	8	200 \pm 28.3	167 – 242
42	14	198.93 \pm 33.18	6	230.33 \pm 26.66	200 – 261
43	16	187.44 \pm 27.92	8	210.63 \pm 14.82	195 – 240
47	12	196.33 \pm 28.75	7	215.71 \pm 18.08	200 – 250
48	11	210.18 \pm 35.27	5	240.4 \pm 25.86	212 – 280

Después de ejecutar el método de selección intrafamiliar en la población de peces del núcleo ESPE-Pailones, se seleccionó 124 individuos con características sobresalientes (Anexo 7), con una media de masa corporal 229.42 \pm 18.27 gramos y una media de 7 individuos por familia, los cuales formaron la población base F0 del programa de mejora genética CENIAC- Papallacta. Las familias de trucha arco iris que registraron mayor masa corporal a los 410 días concuerdan con los registros obtenidos por (Valdivieso, 2018), quien menciona que la mayor masa corporal durante la etapa de alevinaje la obtuvieron las familias 2, 3, 9, 10 y 20.

4.2.3.2 Selección intrafamiliar del núcleo Papallacta

La selección intrafamiliar se realizó cuando la población de trucha arco iris del núcleo Papallacta alcanzó una media de 200 gramos de masa corporal en un tiempo de 410 días, el método de selección toma los individuos que superen la media de masa corporal dentro de la familia o subpoblación momentánea. Al subdividir la población en un amplio número de familias y efectuar la selección dentro de cada una de ellas se neutralizan esos efectos ambientales (que son los mismos para todos los peces de la familia) y de esta forma no influyen en la expresión fenotípica y en la selección (Arilla, 1998). En la tabla 20 se enlista la media de masa corporal de los individuos seleccionados en base al método de selección intrafamiliar.

Tabla 20

Media \pm Desviación estándar de la masa corporal (gramos) de las familias y de los individuos seleccionados del núcleo Papallacta

Familia	n total	Media familiar (g) \pm (SD)	n seleccionada	Media familiar seleccionada (g) \pm (SD)	Rango de variación individual
2	20	227.45 \pm 36.23	12	253.58 \pm 16.41	228 – 280
5	19	208.63 \pm 51.91	10	251.10 \pm 27.04	210 – 300
10	20	228.35 \pm 35.44	9	260.89 \pm 25.14	235 – 305
19	20	206.65 \pm 27.17	9	230.33 \pm 16.99	215 – 270
23	20	182.75 \pm 20.8	11	198.45 \pm 9.93	185 – 214
25	20	226.3 \pm 24.71	12	241.17 \pm 14.81	228 – 277
28	20	178.9 \pm 23.8	9	195.50 \pm 17.60	160 – 220
32	20	216.35 \pm 31.53	11	240.18 \pm 15.11	220 – 266
43	20	185.75 \pm 23.11	10	202.70 \pm 18.12	187 – 250
50	20	198.75 \pm 25.62	10	219.70 \pm 13.36	205 – 241

Luego de llevar a cabo el método de selección intrafamiliar en la población de peces del núcleo Papallacta, se seleccionó 104 individuos con una media de masa corporal de 229.55 ± 28.49 gramos y una media de 10 individuos por familia, que formaron la población base F0 del programa de mejora genética CENIAC-Papallacta (Anexo 7).

CAPÍTULO V

CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES

5.1 Conclusiones

- La implementación de tecnologías de rastreo digital permitió seleccionar peces intrafamiliarmente y establecer la población base F0 de trucha arco iris en los núcleos genéticos ESPE-Pailones y Papallacta.
- La codificación mediante el implante intramuscular de los microchips digitales no afectó al crecimiento, ni a la supervivencia de los peces, garantizando la implementación de una adecuada metodología de rastreo digital.
- La evaluación de los parámetros morfométricos y productivos en las etapas juvenil y engorde mostraron diferencias significativas para masa corporal y longitud parcial, lo que determinó un adecuado índice de condición corporal que se ajustó a la categoría de peces de excelente condición tipo trofeo.
- La población base (F0) con el mejor potencial productivo y morfométrico (cuerpo fusiforme tipo torpedo) se estableció a partir de la metodología de selección intrafamiliar, obteniéndose 124 individuos de las 18 familias del núcleo ESPE-Pailones y 104 individuos de las 10 familias del núcleo Papallacta.

5.2 Recomendaciones

- Con la finalidad de valorar la potencial genética en la población base (F0), es recomendable realizar un seguimiento de parámetros productivos hasta la etapa de reproducción (adulto) en los núcleos ESPE-Pailones y Papallacta.
- Con la finalidad de optimizar la infraestructura y evitar endogamia llevando un monitoreo desde edad temprana es aconsejable implementar metodologías de rastreo y morfometría digital individual en criaderos comerciales.
- Para de determinar la variabilidad genética de la población base F0 de trucha arco iris es conveniente realizar una caracterización genética con marcadores moleculares de tipo microsatélites (SSR) y polimorfismo de nucleótido simple (SNPs).

5.3 Bibliografía

- Arias, A. (1980). Crecimiento, régimen alimentario y reproducción de la dorada (*Sparus aurata* L.) y del robalo (*Dicentrarchus labrax* L.) en los esteros de Cádiz. *Inv. Pesq*, 44(1), 59-83.
- Arilla, J. (1998). Notas sobre teoría de mejora genética . *Univ. Autónoma de Barcelona*, 49, 20-24.
- Barandica, C., & Tort, B. (2008). Neuroendocrinología e inmunología de la respuesta al estrés en peces. *Rdo.Acad Colomb. Cienc*, 123, 267-284.
- Barnham, C., & Baxter, A. (2003). Condition Factor, K, for Salmonid Fish. *Fisheries*, 1-3.
- Bert, T., Seyoums, T., Tringali, M., & McMillen-Jackson, A. (2002). Metodologies for conservation assessments of the genetic biodiversity of aquatic macro-organisms. *Braz J Biol*, 62, 387-408.
- Biomark. (2018). *Biomark Aquaculture*. Obtenido de Specialists in Identification Solutions. Biomark specializes in RFID (PIT tags) and related PIT tagging equipment and services : <http://www.biomarkaquaculture.com/>
- Biomix. (2016). *Alimento balanceado*.
- Blanco, C. (1995). *La Trucha Cría Industrial*.
- Bookstein, F. (1984). A statistical method for biological shape comparisons. *Journal of Theoretical Biology*, 107, 475-520.
- Bookstein, F. (1991). *Morphometric tools for landmark data Geometry and Biology*. Cambridge University Press.
- Bookstein, F. (1996). Combining the tools of geometric morphometrics *Advances in morphometrics* . (L. Marcus, M. Corti, A. Loy, G. Naylor, & P. Slice, Edits.) *Plenum Press*, 131-151.

- Bookstein, F., Chernoff, B., Elder, R., Humphries, J., Smith, G., & Strauss, R. (1985). Morphometrics in Evolutionary Biology. The Academy of Natural Sciences of Philadelphia. *Special Publication*, 277.
- Bravo-Córdoba, F. (2016). Evaluación biológica de escalas de artesas para algunas de las principales especies de peces Ibéricos. *Universidad de Valladolid*, 29-31.
- Bruyndoncx, L., Knaepkens, G., Meeus, W., Bervoets, L., & Eens, M. (2002). The evaluation of passive integrated transponder (PIT) tags and visible implant elastomer (VIE) marks as new marking techniques for the bullhead. *Journal of Fish Biology*, 60, 260- 26.
- Cardelino, R., & Rovira, J. (1987). Mejoramiento genético animal. *Hemisferio Sur*, 2, 65-91.
- Castillo, L. (2003). *La tilapia roja*. Obtenido de Una evolución de 22 años de la incertidumbre al éxito 2003: [http:// www.produce. gob.pe/mipe/dna/doc/ctilapia_I.pdf](http://www.produce.gob.pe/mipe/dna/doc/ctilapia_I.pdf)
- CENIAC. (2012). *Producción dulce acuícola del Ecuador*. (J. Ortiz, Ed.) Recuperado el 28 de Agosto de 2018, de <http://repositorio.espe.edu.ec/bitstream/21000/10164/3/Acuacultura.pdf>
- Christiansen, R., & Lückstädt, C. (2008). Effects of different dosages of potassium diformate in fishmeal on the performance of Atlantic salmon *Salmo salar*. *World Aquaculture Society Conference*.
- Corral, M., Grizel, H., Montes, J., & Polanco, E. (2000). La Acuicultura: Biología, regulación, fomento, nuevas tendencias y estrategia comercial. 258.
- Danzmann, R., & Gharbi, K. (2001). Gene mapping in fishes: a means to an end. *Genetica*, 111, 3-23.
- Drummond, S. (1988). Cría de la Trucha. *Acriba*, 67-80.

- Dujardin, J. (2004). *MOGwin (Software for Generalized Procrustes Analysis)*. Obtenido de Institut de Recherches pour le Développement: <http://www.mpl.ird.fr/morphometrics/mog/index.html>
- Falconer, D. (1981). *Introducción a la genética cuantitativa*. México: Compañía editorial Continental S.A.
- Falconer, D., & Mackay, J. (1996). *Introduction to quantitative genetics* (4 ed.). England: Longman Group Ltd Edinburgh Gate.
- FAO. (2014). Manejo de agua. En *Manual práctico para el cultivo de Trucha Arco Iris* (págs. 5-10).
- FAO. (2016). *Programa de información de especies acuáticas*. Obtenido de Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura, Departamento de Pesca y Acuicultura: http://www.fao.org/fishery/culturedspecies/Oncorhynchus_mykiss/es
- FAO. (06 de Abril de 2017). *Fisheries and Aquaculture Department, Statistical Query Results*. Obtenido de Food and Agriculture Organization of the United Nations: http://www.fao.org/figis/servlet/SQServlet?file=/work/FIGIS/prod/webapps/figis/temp/hq_p_1518825198331098692.xml&outtype=html
- Fernández, J. (2013). Flavobacteriosis on Rainbow Trout (*Oncorhynchus Mykiss*) from Lake Titicaca. *The Biologist*, 11(2), 205-215.
- Ferriz, R. (1993). Algunos aspectos de la dieta de cuatro especies ícticas del río Limay. *Ictiol*, 2, 1-7.

- Fitzgerald, D., Nanson, J., Todd, T., & Davis, B. (2002). Application of truss analysis for the quantification of changes in fish condition. *Journal of Aquatic Ecosystem Stress and Recovery*, 9, 115-125.
- Froese, R. (2006). Cube law, condition factor and weight-length relationships: history, metaanalysis and recommendations. *Journal of Applied Ichthyology*, 22(4), 241-253.
- Gall, G., & Crandell, P. (1992). *Oncorhynchus mykiss* Rainbow Trout. *Fishbase*, 100, 1-10.
- Gallego, F. (2010). *MEJORAMIENTO GENÉTICO EN ACUICULTURA*. Obtenido de Digitool: http://digitool.gsl.com.mx:1801/webclient/StreamGate?folder_id=0&dvs=151578814318 9~16
- Goodall, C. (1983). The statistical analysis of growth in two dimensions. *Department of Statistics, Harvard University*.
- Goswami, A., & Polly, P. (2010). The Influence of Modularity on Cranial Morphological Disparity in Carnivora and Primates (Mammalia). *PLoS ONE*, 5(3), 95.
- Guill, J., Hood, C., & Heins, D. (2003). Body shape variation within and among three species of darters (Perciformes: Percidae). *Ecology of Freshwater Fishes*, 12, 134-140.
- Gunz, P., Mitteroecker, P., & Bookstein, F. (2005). Semilandmarks in three dimensions. In *Modern morphometrics in physical anthropology*. Springer US, 73-98.
- Hayes, B., & Goddard, M. (2010). Genome-wide association and genomic selection in animal breeding. *Genome*, 53(8), 76-83.
- Hernández, A., Sepúlveda, A., & Miranda, L. (1998). *Morfometría y merística del jurel (Trachurus symmetricus murphyi) a lo largo de Chile*. Talcahuan, Chile: Arcos D. Biología y Ecología del Jurel en Aguas Chilenas.

- Hernández, G. (1998). *Estrategia genética para ganado tropical de doble propósito*. Santafé de Bogotá: CO-BAC.
- Hernández-Cruz, C., & Afonso, J. (2006). *Evaluación de los sistemas Visible Implant Elastomer (VIE) y Passive Integrated Transponder (PIT) para marcar alevines de bocinegro (Pagrus pagrus): efectos sobre el crecimiento, la mortalidad y la tasa de retención*. Las Palmas: Trasmontaña.
- Hulata, G., Wohlfarth, G., & Halevy, A. (1986). Mass selection for growth rate in the Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). *Aquaculture*, 57, 177–184.
- INCOPESCA. (1999). El cultivo de la trucha Arco Iris (*Oncorhynchus mykiss*). *Departamento de Acuicultura IN-COPESCA*.
- INIA. (2009). HERRAMIENTAS DE ÚLTIMA GENERACIÓN PARA MEJORAMIENTO GENÉTICO ANIMAL. *INIA Tierra adentro*, 42-45.
- INPA. (1998). Fundamentos de nutrición y alimentación en acuicultura. *Serie fundamentos*, 3, 342.
- Jalili, P., Eagderi, S., & Keivany, Y. (2015). Body shape comparison of Kura bleak (*Alburnus filippii*) in Aras and Ahar-Chai rivers using geometric morphometric approach. *Research in Zoology*, 5(1), 20-24.
- Jobling, M. (1997). Temperature and growth: modulation of growth rate via temperature change. *Seminar Series-Society for Experimental Biology*, 61, 225-254.
- Jolliffe, I. (2002). *Principal Component Analysis*. Berlín: Springer-Verlag.
- Kendall, D. (1984). Shape-manifolds, procrustean metrics, and complex projective spaces. *Bulletin of London Mathematica Society*, 16, 81-121.

- Klingenberg, C. (2011). MorphoJ: an integrated software package for geometric morphometrics. *MolEcol Res*, *11*, 353-357.
- Klingenberg, C., & McIntyre, G. (1998). Geometric morphometrics of development instability: analyzing patterns of fluctuating asymmetry with Procrustes methods. *Evolution*, *52*, 1363-1375.
- Lander, E. (1996). The new genomics: global views of biology. *Science*, *27*, 536–539.
- Langerhans, R., Layman, C., Langerhans, A., & DeWitt, T. (2003). Habitat-associated morphological divergence in two Neotropical fish species. *Biological Journal of the Linnaean Society*, *80*, 689–698.
- Lovell, R. (2003). Diet and fish husbandry. *Fish Nutrition*, *3*, 703-754.
- Loy, A. (1996). An introduction to geometric morphometrics and intraspecific variation: Advances in morphometrics. (L. Marcus, M. Corti, A. Loy, G. Naylor, & D. Slice, Edits.) *Plenum Press*, 131-151.
- Madalena, F. (2001). Consideraciones sobre modelos para la predicción del desempeño de cruzamientos en bovinos. *Archivos Latinoamericanos de Producción Animal*, *9*(2), 108-117.
- MAGAP. (1 de Mayo de 2016). *ESTADO ACTUAL Y PROYECCIÓN DE LA ACUICULTURA CONTINENTAL EN EL ECUADOR*. Obtenido de Ministerio de Agricultura, Ganadería, Acuicultura y Pesca: <http://acuacultura.espe.edu.ec/wp-content/uploads/2016/05/1-Estado-y-Proyecci%C3%B3n-de-la-Acuicultura-Ecuatoriana-Alejandro-de-la-Roche.pdf>
- MAGAP. (2016). *Productores de Sigchos se benefician con 3.000 alevines de trucha arco iris*. Obtenido de Ministerio de Agricultura, Ganadería, Acuicultura y Pesca - MAGAP:

<http://informacion.magap.gob.ec/zona3/index.php/noticias/noticias/424-productores-de-sigchos-se-benefician-con-3000-alevines-de-trucha-arco-iris>

- Mahapatra, K., Gjerde, B., Reddy, P., Sahoo, M., Jana, R., Saha, J., & Rye, M. (2001). Tagging: on the use of passive integrated transponder PIT tags for the identification of fish. *Aquaculture Research*, 32, 47-50.
- Martínez, M., Martínez, L., & Enríquez, R. (2009). Cortisol and Glucose: Reliable indicators of fish stress. *Journal of Aquatic Sciences*, 4(2), 158- 178.
- Martínez, P. (2011). Aplicaciones de la genética para la mejora de la acuicultura. *Instituto Español de Oceanografía*, 21(1), 225-238.
- Martínez, P., & Figueras, A. (2007). *Genética y genómica en acuicultura*. Madrid: Observatorio Español de Acuicultura (OESA).
- Mesa, M., & Botero, M. (2007). La cachama blanca (*Piaractus brachypomus*), una especie potencial para el mejoramiento genético. *CIAG*, 20.
- Milenkovic, M., Sipetic, V., Blagojevic, J., Tatovic, S., & Vujosevic, M. (2010). Skull variation in Dinaric-Balkan and Carpathian gray wolf populations revealed by geometric morphometric approaches. *Journal of Mammalogy*, 91(2), 376-386.
- Montaldo, H. (1998). Mejoramiento genético en animales. *Ciencia al día*, 11, 1-19. Obtenido de [http:// www.ciencia.cl/ cienciaaldía/vol1/numero2,htm](http://www.ciencia.cl/cienciaaldía/vol1/numero2.htm).
- Mora, V., Uyaguari , M., & Osorio, V. (2009). “SITUACIÓN ACTUAL DE LAS ESPECIES INTRODUCIDAS EN EL ECUADOR CON FINES ACUÍCOLAS”. *ResearchGate*, 1-10.

- Navarro, A., Oliva, V., Zamorano, J., Ginés, R., & Afonso, J. (2004). Evaluación del sistema de marcaje PIT (Passive Integrated transponder) en alevines de dorada (*Sparus aurata*). *ITEA*, *10*, 141-145.
- Odegard, J., Moen, T., Santi, N., Korsvoll, S., Kjøglum, S., & Meuwisse, T. (2014). Genomic prediction in an admixed population of Atlantic salmon (*Salmo salar*). *Frontiers in Genetics*, *5*, 1-8.
- Ortiz, J., Pérez, F., & Giacometti, J. (2015). Desarrollo de Marcadores Genéticos tipo EST-SSR para Trucha Arco Iris. Acuicultura. *Producción dulce acuícola en el Ecuador*, 40-50.
- Ossa, G. (2003). *Mejoramiento genético aplicado a los sistemas de producción de carne*. Santafé de Bogotá: CO-BAC.
- Palmer, A. (1994). Fluctuating asymmetry analyses. (T. Markow, Ed.) *Kluwer*, 335-364.
- Pérez, J. (1996). Mejoramiento genético en acuicultura. En I. d. Venezuela (Ed.). Cumaná: Universidad de Oriente.
- Pilly, T. (1997). *Acuicultura, Principios y prácticas*. Limusa, México: Hemisferio Sur.
- Pineda, H., Taborda, M., & Hernández, A. (2013). Selección por conformación de reproductores de tilapia roja *Oreochromis sp.*, mediante prueba de progenie. *MVZ Córdoba*, *18*, 3626-3632.
- Poulet, N., Berrebi, P., Crivelli, A., Lek, S., & Argillier, C. (2004). Genetic and morphometric variations in the pikeperch (*Sander lucioperca* L.) of a fragmented delta. *Archiv für Hydrobiologie*, *159*(4), 531-554.

- Quintero, L., Pardo, G., & Quintero, A. (2011). *Manual técnico para la producción de peces de consumo a pequeña escala en el departamento de Cundinamarca*. Bogotá: Universidad Nacional de Colombia.
- Riva, C. (2004). Origen y desarrollo de historias de vida alternativas en poblaciones introducidas de trucha arco iris (*Oncorhynchus mykiss*). Patagonia: Centro Regional Universitario Bariloche.
- Rodeles, A., Galicia, D., & Miranda, R. (2017). Recommendations for monitoring freshwater fishes in river restoration plans: A wasted opportunity for assessing impact. *Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems*, 24(7), 880-885.
- Rohlf, F. (2010). Distances and directions in multidimensional shape spaces: implications for morphometric applications. *Systematic Biology*, 54(4), 678-688.
- Rohlf, F., & Marcus, L. (1993). A revolution in morphometrics. *Trends Ecol Evol*, 8(1), 29-32.
- Rohlf, F., & Slice, D. (1990). Extensions of the Procrustes method for the optimal superimposition of landmarks. *Systematic Biology*, 39(1), 40-59.
- Sanabria, Y. (2016). Historia de la Acuicultura en Colombia. *AquaTIC*, 37.
- Slice, D. (2001). Landmark coordinates aligned by Procrustes analysis do not lie in Kendall's shape space. *Systematic Biology*, 141-149.
- Solar, I. (2002). *Bioteconología aplicada a la acuicultura*. Chile: Aquanoticias.
- Tave, D. (1986). Genetics of quantitative phenotypes. En *Genetic for fish hatchery managers* (págs. 115-160.). Westpor: AVI Publishing Co.
- Tave, D. (1993). *Genetics for fish hatchery managers* (2 ed.). New York: Van Nostrand Reinhold.

- Tave, D. (1996). *Programas de cría selectiva para piscifactorías de tamaño medio* (Vol. 352). New York: Food & Agriculture Org.
- Tirados, F. (2001). La mejora genética animal en la segunda mitad del siglo XX. *Archivos de zootecnia*, 50(192), 6.
- Valdivieso, P. (2018). Selección de familias F1 de trucha arco iris, como base del programa de mejora genética asistido con marcadores moleculares, en el Centro de Investigaciones Acuicolas de Papallacta – Ministerio de Acuicultura.
- Vignal, A., Milan, D., & Sancristobal, M. (2002). A review on SNP and other types of molecular markers and their use in animal genetics. *Genetics, selection, evolution*, 34, 275–305.
- Wigth, J. (1976). *Introduction to Forest Genetics*. New York: Academic Press Inc.
- Wimberger, P. (1992). Plasticity of fish body shape – the effects of diet, development, family and age in two species of *Geophagus* (Pisces: Cichlidae). *Biological Journal of the Linnaean Society*, 45, 197–218.
- Yáñez, J., & Martínez, V. (2010). Genetic factors involved in resistance to infectious diseases in salmonids and their application in breeding programmes. *Archivos de Medicina Veterinaria*, 42, 1–13.
- Yáñez, J., Newman, S., & Houston, R. (2015). Genomics in aquaculture to better understand species biology and accelerate genetic progress. *Frontiers in Genetics*, 6, 128.
- Zelditch, M., Swiderski, D., & Sheets, H. (2012). *Geometric Morphometrics for Biologists*. Massachusetts: Academic Press.
- Zelditch, M., Wood, A., Bonett, R., & Swiderski, D. (2008). Modularity of the rodent mandible: integrating bones, muscles, and teeth. *Evolution & development*, 10(6), 756-768.