Resumen

La diversidad genética constituye un componente relevante para el manejo y conservación de especies. El objetivo de esta investigación fue evaluar la heterocigosidad en *Cebus yuracus* mediante un conjunto de cinco microsatélites. Se analizaron 29 muestras fecales no invasivas correspondientes a 20 individuos: 13 de Misahuallí y 7 de un centro de rescate. Los loci PEPC40, PEPC59, AP74, D5S111 y Ceb07 fueron amplificados mediante PCR y posteriormente se separaron en geles de poliacrilamida no desnaturalizante al 10 % y los tamaños alélicos se estimaron mediante comparación con un marcador molecular. Se establecieron las condiciones de los sistemas dúplex AP74–D5S111 y PEPC40–PEPC59, mientras que Ceb07 se analizó mediante una reacción individual. Los parámetros de diversidad genética fueron calculados en GenAlEx a partir de un genotipo por individuo y locus. Los cinco marcadores fueron polimórficos: PEPC59 presentó siete alelos, PEPC40, AP74 y Ceb07 presentaron cinco, y D5S111 presentó cuatro. Misahuallí mostró una heterocigosidad observada promedio de 0,512 y una esperada de 0,723, mientras que, en el centro de rescate, los valores fueron 0,417 y 0,571, respectivamente. La heterocigosidad observada fue menor a la esperada en la mayoría de los loci, aunque AP74 presentó un exceso de heterocigotos en el centro de rescate. En las pruebas de Hardy-Weinberg, los microsatélites PEPC59 y AP74 de Misahuallí y D5S111 en el centro de rescate demostraron señales nominales de desviación. Sin embargo, el tamaño poblacional, la variación en la amplificación y los posibles errores de genotipificación impiden interpretar estos resultados como evidencia directa de endogamia. El estudio generó una primera caracterización de la heterocigosidad de *C. yuracus,* útil como base para investigaciones con mayor número de individuos, marcadores y técnicas de genotipificación de mayor precisión.

Palabras clave: Cebus yuracus, diversidad genética, heterocigosidad, microsatélites, muestras no invasivas.

Abstract

Genetic diversity is an important component of species management and conservation. The objective of this study was to evaluate heterozygosity in *Cebus yuracus* using a set of five microsatellite markers. A total of 29 non-invasive fecal samples corresponding to 20 individuals were analyzed: 13 from Misahuallí and seven from a wildlife rescue center. The PEPC40, PEPC59, AP74, D5S111, and Ceb07 loci were amplified by polymerase chain reaction (PCR), and the resulting products were subsequently separated using 10 % non-denaturing polyacrylamide gel electrophoresis. Allele sizes were estimated by comparison with a molecular size marker. Amplification conditions were established for the AP74–D5S111 and PEPC40–PEPC59 duplex systems, whereas Ceb07 was analyzed through an individual PCR reaction. Genetic diversity parameters were calculated using GenAlEx based on one genotype per individual and locus. All five markers were polymorphic: PEPC59 exhibited seven alleles; PEPC40, AP74, and Ceb07 exhibited five alleles each; and D5S111 exhibited four alleles. Misahuallí showed a mean observed heterozygosity of 0.512 and a mean expected heterozygosity of 0.723, whereas the wildlife rescue center showed values of 0.417 and 0.571, respectively. Observed heterozygosity was lower than expected heterozygosity at most loci, although AP74 showed an excess of heterozygotes in the wildlife rescue center. Hardy–Weinberg equilibrium tests showed nominal signals of deviation for PEPC59 and AP74 in Misahuallí and for D5S111 in the wildlife rescue center. However, the limited sample size, variation in amplification success, and potential genotyping errors prevent these results from being interpreted as direct evidence of inbreeding. This study provides the first characterization of heterozygosity in *C. yuracus* and constitutes a useful baseline for future research involving a larger number of individuals, additional markers, and more accurate genotyping techniques.

Keywords: Cebus yuracus, genetic diversity, heterozygosity, microsatellites, non-invasive samples.