



# UNIVERSIDAD DE CHILE

FACULTAD DE CIENCIAS AGRONÓMICAS  
FACULTAD DE CIENCIAS VETERINARIAS Y PECUARIAS  
INSTITUTO DE NUTRICION Y TECNOLOGIA DE LOS ALIMENTOS

**HEREDABILIDAD Y CORRELACIONES GENÉTICAS DE RASGOS DE CRECIMIENTO,  
RENDIMIENTO Y CALIDAD EN CEPA LOCHY DE SALMON DEL ATLANTICO (*Salmo salar*)**

Tesis presentada como parte de los  
requisitos para optar al Grado de  
Magister en Ciencias de la Acuicultura

**CARLOS SOTO VENEGAS**

Biólogo Marino

Director de Tesis  
JOSÉ GALLARDO MATUS

Co-Director de Tesis  
CRISTIAN ARANEDA

SANTIAGO - CHILE  
2016

**HEREDABILIDAD Y CORRELACIONES GENÉTICAS DE RASGOS DE  
CRECIMIENTO, RENDIMIENTO Y CALIDAD EN CEPA LOCHY DE  
SALMON DEL ATLANTICO (*Salmo salar*)**

Tesis presentada como parte de los requisitos para optar al grado de:  
Magister en Ciencias de la Acuicultura

**CARLOS SOTO VENEGAS**

NOTA

FIRMA

COMISION DE TESIS

Nelson Díaz Pérez  
Dr. en Ciencias

.....

Jurij Wacyk  
Ingeniero Agrónomo. Ph. D.

.....

David Véliz  
Ph. D. en Biología

.....

## AGRADECIMIENTOS

Dedicado a mi esposa María Paz y mis hijos Rodolfo e Isadora (la familia...), por su infinita paciencia, por su amor y cariño....sin ustedes no hubiese podido....

Agradecer a mis padres Luis y Eliana y mi mama Clara por estar siempre presentes en mi vida....

A José Gallardo por su dedicación, orientación y entusiasmo, por ser un gran tutor, y una mejor persona...

A Nelson Díaz por apoyarme durante todo el desarrollo de mi magister, a Cristian Araneda por sus consejos y recomendaciones; a David Véliz y Jurij Wacyk por sus importantes observaciones.

A Hugo Cajas por idear e impulsar este proyecto, por confiar en mí y brindarme su apoyo...

A Sergio Aros por darme todo tipo de facilidades y tiempo para desarrollar mis estudios.

A Salmones Camanchaca, en la persona de Jorge Fernández, por darme la oportunidad y confianza de patrocinar este inédito proyecto al interior de la compañía...

Agradecer a mis colegas Lucia Herrera, Manuel Soto, Sonia Velásquez, Romina Mosi, Gabriel Carrillo, Darwin Muñoz, Álvaro Bastías, Juan Castex, Cesar Lagos, Marisel Mansilla Amilcar Arriagada, Caterina Rolleri, Adolfo Henríquez y Agustín Millán ..... Su trabajado y ayuda son parte integral de esta tesis...

A las personas de la Planta San Jose y Tome y Centros de Cultivo Rio del Este, Polcura y Porcelana, por su gran disposición para ejecutar las actividades en terreno...

A la Pontificia Universidad Católica de Valparaíso por permitirme trabajar en sus instalaciones....

*Con amor para la Mery.....*

**INDICE****CAPITULO I: MONOGRAFIA**

<b>TITULO:</b> Importancia de rasgos de crecimiento, rendimiento y calidad en programas de mejora genética de salmones. ....	8
--	---

**CAPITULO II: ARTICULO CIENTÍFICO**

TITULO: Heredabilidad y correlaciones genéticas de rasgos de crecimiento, rendimiento y calidad en cepa lochy de salmón del atlántico ( <i>Salmo salar</i> ).....	15
RESUMEN.....	15
ABSTRACT.....	16
INTRODUCCIÓN .....	17
HIPOTESIS.....	19
OBJETIVOS .....	19
MATERIALES Y MÉTODOS .....	20
RESULTADOS.....	26
DISCUSIÓN .....	36
CONCLUSIONES .....	43
LITERATURA CITADA.....	44
ANEXO FIGURAS.....	63

## INDICE DE CUADROS

<b>Cuadro 1:</b> Población fundadora (2008) y primera generación mejorada (2011) de la línea 1 del PMG de Salmones Camanchaca, cepa Lochy.....	14
<b>Cuadro 2:</b> Numero de peces censados (N), Promedio fenotípicos (X), desviación estándar (DS) y coeficiente de variación de todos los rasgos evaluados por sexo....	19
<b>Cuadro 3:</b> Numero de peces censados (N), Promedio fenotípicos (X), desviación estándar (DS) y coeficiente de variación de todos los rasgos evaluados por jaula .....	20
<b>Cuadro 4:</b> Nivel de significancia estadística de los efectos fijos (Jaula y Sexo) y covariables (Cataratas, Peso Smolt y Peso Cosecha WFE) sobre los rasgos.....	21
<b>Cuadro 5:</b> Numero de peces censados (N), Promedio fenotípicos (X), desviación estándar (DS) y coeficiente de variación de los rasgos evaluados en la etapa de agua dulce por sexo .....	22
<b>Cuadro 6:</b> Numero de peces censados (N), Promedio fenotípicos (X), desviación estándar (DS) y coeficiente de variación de los rasgos evaluados en los ambientes de agua dulce y agua de mar .....	23
<b>Cuadro 7:</b> Heredabilidad (diagonal), correlaciones fenotípicas (sobre la diagonal) y correlaciones genéticas (bajo la diagonal) de rasgos de crecimiento en agua de mar .....	25
<b>Cuadro 8:</b> Heredabilidad (diagonal), correlaciones fenotípicas (sobre la diagonal) y correlaciones genéticas (bajo la diagonal) de rasgos de rendimiento en planta .....	25
<b>Cuadro 9:</b> Heredabilidad (diagonal), correlaciones fenotípicas (sobre la diagonal) y correlaciones genéticas (bajo la diagonal) de rasgos de calidad en planta .....	26
<b>Cuadro 10:</b> Heredabilidad (diagonal), correlaciones fenotípicas (sobre la diagonal) y correlaciones genéticas (bajo la diagonal) entre algunos rasgos de crecimiento, rendimiento y calidad .....	27
<b>Cuadro 11:</b> Heredabilidad (diagonal), correlaciones fenotípicas (sobre la diagonal) y correlaciones genéticas (bajo la diagonal) de rasgos de crecimiento medido en dos ambientes, agua de mar y agua dulce .....	28

## INDICE DE FIGURAS

<b>Figura 1:</b> Líneas generacionales del Programa de Mejoramiento Genético de Salmones Camanchaca cepa Lochy. ....	45
<b>Figura 2:</b> Pescado cosechado y desangrado. ....	46
<b>Figura 3:</b> Pescado eviscerado con cabeza (HON). ....	46
<b>Figura 4:</b> Pescado eviscerado sin cabeza (HG). ....	47
<b>Figura 5:</b> Filete Trim D de máximo rendimiento (TRIMD). ....	47
<b>Figura 6:</b> Registro fotográfico filete TRIMD para análisis de gaping y color. ....	48
<b>Figura 7:</b> Imagen analizada de un filete TRIMD para cuantificación de gaping. ....	48
<b>Figura 8:</b> Esquema de deciles dorsales y ventrales sobre filete para análisis de imágenes. ....	49
<b>Figura 9:</b> Distribución de gaping en la superficie de filetes muestreados. (A) jaula 1 cosechada en octubre, (B) jaula 2 jaula cosechada en noviembre. La zona roja indica áreas con mayor frecuencia de gaping . ....	49
<b>Figura 10:</b> Imagen de un filete TRIMD analizado para color mediante análisis de imágenes. ....	50
<b>Figura 11:</b> Función lineal de la covariable peso smolt (PSMOLT) sobre el rasgo peso cosecha (WFE). ....	51
<b>Figura 12:</b> Función lineal de la covariable peso cosecha (WFE) sobre el rasgo rendimiento filete trimd (RTRIMD). ....	52
<b>Figura 13:</b> Función no lineal de la covariable peso cosecha (WFE) sobre el rasgo rendimiento filete trimd (RTRIMD). ....	53
<b>Figura 14:</b> Función lineal de la covariable cataratas (CAT) sobre el rasgo peso cosecha (WFE) en Machos. ....	54
<b>Figura 15:</b> Efecto de la variable sexo (macho o hembra) sobre el rasgo peso cosecha (WFE). ....	55
<b>Figura 16:</b> Efecto de la variable jaula (J1 y J2) sobre el rasgo peso cosecha (WFE). ....	56
<b>Figura 17:</b> Test de normalidad gráfico Quartil-Quartil para registros de crecimiento PSMOLT, WFE, SGR, LC. ....	57
<b>Figura 18:</b> Test de normalidad gráfico Quartil-Quartil para registros de rendimiento PGON, HON, TRIMC, HG. ....	58

<b>Figura 19:</b> Test de normalidad gráfico Cuartil-Cuartil para rasgos de calidad TXT y Color.....	59
<b>Figura 20:</b> Distribución de frecuencia peso smolt (PSMOLT).....	60
<b>Figura 21:</b> Distribución de frecuencia peso cosecha (WFE) .....	61
<b>Figura 22:</b> Distribución de frecuencia tasa de crecimiento (SGR).....	62
<b>Figura 23:</b> Distribución de frecuencia ganancia diaria de peso (GRD).....	63
<b>Figura 24:</b> Distribución de frecuencia ganancia longitud pez (LC).....	64
<b>Figura 25:</b> Distribución de frecuencia índice de condición a la cosecha (K) .....	65
<b>Figura 26:</b> Distribución de frecuencia pez eviscerado con cabeza (HON).....	66
<b>Figura 27:</b> Distribución de frecuencia pez eviscerado sin cabeza (HG).....	67
<b>Figura 28:</b> Distribución de frecuencia filete Trim D (TRIMD).....	68
<b>Figura 29:</b> Distribución de frecuencia rendimiento pez con cabeza (RHON).....	69
<b>Figura 30:</b> Distribución de frecuencia rendimiento pez sin cabeza (RHG).....	70
<b>Figura 31:</b> Distribución de frecuencia rendimiento filete trim D (RTRIMD) .....	71
<b>Figura 32:</b> Distribución de frecuencia peso gónadas (PGON). .....	72
<b>Figura 33:</b> Distribución de frecuencia índice gonadosomático (IGS) .....	73
<b>Figura 34:</b> Distribución de frecuencia gaping (GAP).....	74
<b>Figura 35:</b> Distribución de frecuencia descamación (DESC) .....	75
<b>Figura 36:</b> Relación entre grado de descamación (DESC) y el peso de cosecha de los peces (WFE).....	76
<b>Figura 37:</b> Distribución de frecuencia textura filete (TXT).....	77
<b>Figura 38:</b> Distribución de frecuencia color filete (COLOR).....	78
<b>Figura 39:</b> Distribución de color filete en función del peso WFE.....	79
<b>Figura 40:</b> Relación entre color y variable cuantitativos (LONG, WFE, DHON, TRIMD, K , HG, DHON).....	80
<b>Figura 41:</b> Relación entre el gaping, la jaula de cultivo y el mes de muestreo.....	81
<b>Figura 42:</b> Niveles de Cataratas (0 a 8).....	82
<b>Figura 43:</b> Test de normalidad gráfico Cuartil-Cuartil para registros de peso (PALEVIN, PADULTO, PREP Y PMAR).....	83

<b>Figura 44:</b> Distribución de frecuencia peso alevines post marcaje (PALEV).....	84
<b>Figura 45:</b> Distribución de frecuencia peso adulto (PADU) cultivados en agua dulce (PADU).....	85
<b>Figura 46:</b> Distribución de frecuencia peso reproductores cultivados en agua dulce (PREP).....	86
<b>Figura 47:</b> Distribución de frecuencia peso a la cosecha en peces cultivados en agua mar (PMAR).....	87
<b>Figura 48:</b> Correlación del valor genético para el rasgo peso entre 20 familias cultivadas en agua dulce (Peso Reproductores) y en el mar (Peso WFE) .....	88
<b>Figura 49:</b> Correlación del valor genético para el rasgo peso entre 20 familias cultivadas en agua dulce (Peso Adulto) y en el mar (Peso WFE).....	89



## CAPITULO I: MONOGRAFIA

### **Conceptos Generales de Mejora Genética: Importancia de rasgos de crecimiento, rendimiento y calidad en programas de mejora genética de salmones**

#### **Mejora genética y rasgos cuantitativos.**

El mejoramiento genético es un elemento esencial en la acuicultura que permite, de forma continua, mejorar la eficiencia y la productividad de todo el modelo productivo y económico (Duncan et al., 2013). El mejoramiento genético en salmones se realiza mediante la selección artificial de las poblaciones de cultivo, en rasgos de relevancia económica que impactan en el crecimiento de los peces, en el rendimiento y en la calidad del producto final (Gjedrem 2012). Los programas de mejoramiento en salmones se iniciaron formalmente en Noruega a través de la empresa AKVAFORSK en 1975 (Gjedrem 2009). El principal y primer rasgo utilizado, que aporta valor económico para la empresa, es el peso a la cosecha, o su índice, la tasa de crecimiento específico, y que con el paso de los años se ha consolidado como el principal criterio de selección para la industria salmoneera e incorporado en la mayoría de los programas de mejoramiento genético a nivel mundial (Hershberger et al., 1990; Neira et al., 1997; Gjedrem 2000).

Con el tiempo y desarrollo de la actividad, se han ido incorporando otros rasgos de interés como maduración sexual, resistencia a enfermedades y calidad (Gjedrem 2009, L'ohmus et al., 2012). Respecto de los rasgos de rendimiento estos apuntan principalmente al peso del filete y al peso del pez eviscerado (Powell et al., 2008, Yuan 2015). Dentro de los rasgos asociados a la calidad, el color de la carne es sin duda, el principal criterio estudiado, junto al contenido graso (Johnston 2007; Yuan 2015), y la textura o gaping del filete (Bjørnevik 2005, Johnston 2010).

Desde un punto de vista fenotípico los rasgos de importancia económica se agrupan en dos grandes categorías, cuantitativos y cualitativos (Falconer y Mackay 1996). Estos rasgos se diferencian principalmente en que los primeros se expresan como la relación entre su genotipo y el entorno en el cual fue criado, donde el ambiente ejerce una gran influencia sobre su expresión y son determinados por una gran cantidad de genes. Los rasgos cualitativos en cambio, están asociados a pocos genes, los cuales tienen gran influencia en su expresión y donde el ambiente tiene un efecto muy menor, ejemplo de lo anterior son el color de la concha en *Argopecten purpuratus* (Winkler et al., 2001), o el albinismo en peces como lo descrito para Catfish por Zou et al. (2015).

Respecto de la metodología de estudio, la genética cuantitativa difiere de la genética cualitativa o mendeliana, en dos aspectos principales: 1) las descendencias individuales no proporcionan información alguna respecto del rasgo, siendo la unidad de estudio las “poblaciones”, es decir grupos grandes de individuos que comprenden muchas descendencias; 2) y que los estudios cuantitativo requieren de mediciones, y no basta solo con la clasificación de los individuos (Falcones y Mackay 1996)

La variación fenotípica de los rasgos cuantitativos es producto de la variación genética y ambiental, y por tanto se descompone en varianza genotípica ( $V_G$ ) y varianza ambiental ( $V_E$ ). Esta relación se sustenta bajo dos supuestos fundamentales: 1) Se asume que no existe correlación entre el valor genético de los individuos y el ambiente en que se encuentran y 2) Se asume que cada ambiente tiene el mismo efecto sobre

cada genotipo, es decir ausencia de interacción genotipo ambiente. La varianza genotípica por su parte se descompone en varianza aditiva ( $V_A$ ) que corresponde a la varianza de los efectos aditivos de los genes que determinan un rasgo cuantitativo; varianza de dominancia ( $V_D$ ) que corresponde a la variación del efecto de dominancia entre alelos de un mismo gen; y varianza epistática o de interacción ( $V_I$ ), que corresponde a la variación debida a la interacción entre genes de distintos loci. Dado que los individuos traspasan a su descendencia sus genes y no sus genotipos, la varianza genética aditiva ( $V_A$ ) es la componente más importante dentro de todas las varianzas genéticas. La varianza ambiental ( $V_E$ ) en cambio, es una fuente de error que reduce la precisión de los estudios genéticos y por definición comprende todo aquello que no es varianza genética, donde los factores nutricionales y climáticos son las causas más comunes de variación ambiental. En programas de selección es necesario controlarla y reducirlas al máximo.

Los principales parámetros genéticos de una población son la heredabilidad, las correlaciones genéticas entre rasgos y las interacciones genotipo - ambiente (Ramírez y Egaña 2003). La heredabilidad o índice de herencia de un carácter métrico, es uno de los factores más importantes para la mejora animal (Falconer y Mackay 1996), y corresponde a la determinación de la contribución relativa de los genes a la variabilidad de un carácter que se está considerando. En este sentido el principal indicador utilizado como referencia es la heredabilidad ( $H^2$ ), la cual, en sentido amplio, se define como la proporción entre la varianza genética y la varianza fenotípica, pero de modo más estricto, corresponde al cociente entre la varianza genética aditiva sobre la varianza fenotípica ( $h^2 = V_A/V_P$ ; Wright, 1921). La heredabilidad en sentido estricto expresa por tanto la proporción de la varianza fenotípica que es imputable al efecto promedio de los genes que determinan la característica. Se define como el cociente entre la varianza genética aditiva ( $V_A$ ) y la varianza fenotípica ( $V_P$ ), expresada como proporción. En un programa de selección, la cuantificación de este parámetro es de suma importancia, ya que permite evaluar si el valor fenotípico de un individuo es un buen estimador de su valor genético, estableciendo una mejor metodología de selección y estimar la respuesta genética en el carácter seleccionado (Falconer y MacKay, 1996). La correlación genética ( $r_G$ ) por su parte se define como la asociación entre los valores genéticos aditivos de los rasgos biométricos involucrados, e indican la magnitud promedio en la cual dos caracteres están influenciados por los mismos genes (Falconer y MacKay, 1996). Un último aspecto de importancia a considerar en este estudio, es determinar la interacción genotipo/ambiente (GxE), la cual plantea la posibilidad de que diferentes genotipos puedan tener diferentes respuestas o expresiones dependiendo de los cambios ambientales (Falconer y Mackay 1996).

## Estimación de parámetros genéticos de rasgos cuantitativos de salmones

### Heredabilidad

Los principales rasgos asociados al crecimiento son peso a la cosecha y longitud del pez. Para estos rasgos se han establecido en general valores de heredabilidad intermedio a altos, ejemplo para *Salmo trutta caspius* fue de 0,42 para peso y de 0,49 para longitud (Yousefian 2012). El mismo autor en el 2008 determinó las heredabilidades de 0,18 para crecimiento en estadios tempranos de trucha arcoíris *Ocorhynchus mykiss*. En salmones de cultivo se estimaron valores de 0,52 (Tsai et al., 2015), en otros casos rangos entre 0,25 a 0,35 (Lillehammer et al., 2013). En población silvestre de salmón del atlántico en estado adulto se determinó para peso y longitud una heredabilidad de 0,32 (Saura et al., 2010).

En el proceso de constitución y desarrollo de programas genéticos en Salmones, se fue recopilando una serie de información adicional relacionada con otros rasgos de interés económico, como maduración sexual, resistencia a enfermedades y calidad que más tarde fueron incorporados en los índices de selección (Gjedren 2009). Entre los rasgos asociados a la calidad se destaca el color de filete y madurez en salmones, en los cuales se ha descrito que tienen un importante componente heredable y por tanto susceptible de ser mejorados genéticamente. En el caso del color se han descrito heredabilidades de 0,29 (Peñaloza et al., 2013), 0,21 (Lhorente 2001) y 0,32 (Powell et al. 2008). Lillehammer 2013, estableció heredabilidades para tasa de crecimiento entre un rango de 0,25 a 0,35, y para madurez entre 0,32 a 0,33 (Lillehammer et al., 2013). Heredabilidad intermedias de 0,17 se han estimado para salmones en rasgo de contenido graso (Peñaloza, 2013).

Los rasgos asociados al rendimiento como peso filete o peso canal, o sus equivalentes, porcentajes de rendimiento, cuantificado en función del peso del pez en la cosecha, son los rasgos menos considerados aún en los programas de selección, ya que en general se han estimado heredabilidades bajas (Powell et al., 2008). Es así como en rendimientos expresados como porcentajes los valores de heredabilidad son bajos en general, ejemplo % filete de 0,03, % cabeza 0,01 o % vísceras 0,02 (Powell et al., 2008), sin embargo cuando estos valores se estiman en función del peso estas heredabilidad aumentan sustancialmente; peso filete 0,12, peso cabeza 0,12 y peso vísceras 0,30 (Powell et al., 2008), esta variación se debe a la alta correlación que existe entre el peso de la cosecha y el peso de los productos. En la misma línea Lhorente (2001) estimó heredabilidades medias y altas (0,25 a 0,40) para peso canal en tres cepas comerciales de salmón del atlántico, sin embargo al estimarla en función de su porcentaje de rendimiento estas disminuyeron a valores de entre los 0,06 a 0,13. Mismo patrón se repite a lo estimado por Tsai et al. (2015) para peso filete en salmón del atlántico con  $h^2$  de 0,53 pero solo 0,05 para porcentaje de rendimiento filete, para peso vísceras 0,53 vs rendimiento vísceras 0,04. En el mismo sentido para *Sparus aurata* se estimaron valores medios de heredabilidad para rasgos de rendimiento de carcaza (rango de 0,17 a 0,24) pero bajos para rendimiento de filete medido en términos de porcentaje ( $0.11 \pm 0.05$ ) (García et al., 2015).

## Correlaciones Genéticas Entre Rasgos

No obstante, la selección de un rasgo puede producir cambios o variaciones en otros rasgos. Este efecto se produce por la capacidad pleiotrópica de los genes, es decir la propiedad de un gen de afectar dos o más caracteres, de forma tal que si el gen está segregando hace que los caracteres afectados varíen simultáneamente (Falconer y Mackay 1996). Por ejemplo, los genes que aumentan la tasa de crecimiento aumentan tanto la estatura como el peso, de forma que tienden a causar correlación entre estos dos caracteres. En cambio los genes que aumentan el engrasamiento influyen en el peso no así en la estatura, por tanto no son causas de correlación. Algunos genes aumentan la expresión de ambos caracteres, mientras que otros aumentan la de uno y reducen la del otro; los primeros tienden a causar una correlación positiva y los últimos una correlación negativa (Falconer y Mackay 1996).

Estos rasgos correlacionados pueden tener un efecto mayor, pudiendo afectar incluso la expresión del mismo fenotipo en otros peces de la población, lo que se conoce como efecto genético indirecto (IGE). Ling et al. (2015), pudo determinar en Tilapia del Nilo *Oreochromis niloticus*, que peces seleccionados por tasa de crecimiento, han mostrado ser más agresivos y competitivos, observando una reducción en la respuesta de crecimiento de los demás peces que conviven con ellos en la población.

En salmones por ejemplo se ha establecido una serie de relaciones entre rasgos, por ejemplo, la relación directa entre el crecimiento acelerado y madurez sexual (Lillehammer et al., 2013), o la relación positiva entre el crecimiento y el color de filete (Cheryl et al., 2005, Acharya 2011; Baranski et. al. 2010; Vieira et al., 2007), y como estos influye sobre el rendimiento de la canal, o rendimiento del filete (Vieira et al., 2007; Powell et al., 2008), o el contenido graso en función del crecimiento (Cheryl et al., 2005). Este tipo de asociación es conocida como correlación fenotípica y se puede determinar midiendo dos caracteres en un grupo de individuos de una población

Si además pudiésemos conocer los valores genotípicos y ambientales que explican la variación de dos rasgos podremos estimar correlaciones ambientales y genéticas. La correlación genética mide la relación existente entre el valor genético de un determinado carácter y el valor genético del mismo animal para otro carácter. Este tipo de asociación es derivado del análisis de varianza entre animales emparentados, en función solamente de la porción correspondiente a la varianza genética aditiva (Falconer y Mackay 1996).

El crecimiento del Salmon del Atlántico tiene una correlación genética positiva con el color de filete y también con la madurez (Lillehammer et al., 2013; Acharya 2011; Baranski et al., 2010, Vieira et al., 2007; Quinton et al., 2005). Sin embargo, la madurez resta color en el filete. Powell et al. (2008) establece una buena correlación genética entre el color y el peso a la cosecha (0,51) y producción de filete (0,61), misma relación pero menos intensa establece Acharya (2011) y Vieira (2007). O correlaciones positivas entre 0,34 a 0,39 para crecimiento y madurez sexual (Lillehammer et al., 2013). Por otra parte en cepas de salmones con crecimiento rápido se determinó una relación muy baja con la incidencia de gaping en los filetes (Johnston et al., 2007). En otras especies de cultivo estos patrones siguen la misma tendencia por ejemplo en *Sparus aurata* se han establecido correlaciones genéticas positivas entre peso, grasa visceral y factor de condición, lo que equivale a que la selección en peso puede conducir a un aumento en el factor de condición (0,47 ±

0,21), pero, al mismo, a un aumento indeseable en la grasa visceral ( $0,42 \pm 0,20$ ) y una disminución en el rendimiento de filete ( $-0,58 \pm 0,09$ ) (Garcia et al., 2015).

En lo práctico por tanto es deseable seleccionar los animales de una población de reproductores cuantificando adecuadamente las correlaciones genéticas, de manera de tener información base que nos permita orientar el proceso de mejora, y decidir entre caracteres que combinen rasgos con heredabilidades medias y altas, correlaciones favorables entre estos rasgos y el beneficio económico para la empresa.

### **Interacción Genotipo x Ambiente (GxE)**

El establecimiento de este tipo de interacción genotipo ambiente (G x E) es muy relevante en programas de mejora genética, sobre todo cuando el propósito del criador es generar peces que se desarrollen de forma estándar en múltiples entornos y diversos ambientes de cultivo. En términos simples la existencia de interacción genotipo x ambiente puede implicar que el mejor genotipo en un ambiente no sea mejor en el otro. Por tanto un carácter medido en dos ambientes distintos debe considerarse no como un carácter único, sino como dos caracteres independientes, de manera de establecer heredabilidades para ambos y sus correlaciones genéticas correspondientes. Si esta correlación es alta, las producciones en dos ambientes distintos equivalen a uno solo y están determinadas casi por el mismo conjunto de genes (Falconer y Mackay 1996).

Es así como un estudio desarrollado por Sae-Lim et al. (2015), recopiló información de 38 especies de peces de cultivo, mostrando que para el rasgo crecimiento la correlación genética ponderada va de moderada a alta ( $r_g=0,72$ ), lo mismo que para el rasgo primera madurez sexual y la apariencia del pez ( $r_g=0,82$ ), por tanto se espera que la mejora genética evaluada en un ambiente sea eficaz en otros ambiente; por el contrario en el rasgo sobrevivencia el ambiente puede resultar determinante a la hora de seleccionar peces ( $r_g=0,52$ ). En el caso de *Sparaus aurata* (Lee-Montero et al., 2015) estableció una fuerte interacción para crecimiento pero baja para deformidades y longitud de los peces. En trucha arcoíris (*Oncorhynchus mykiss*), se estableció una fuerte interacción genotipo ambiente para peso corporal, cultivadas en 4 ambientes muy diversos (Sae-Lim et al., 2014), repartidos en tres continentes, pudiendo determinar además que la temperatura día y el fotoperiodo fueron las variables determinantes que explican estas interacciones. Navarro et al. (2009a y 2009b) estimaron la inexistencia de interacción GxA en caracteres de crecimiento de dorada a través de correlaciones genéticas de los mismos caracteres medidos en dos ambientes (jaulas insulares y tanques).

### **Efectos Fijos y Covariables**

La estimación de parámetros genéticos como heredabilidad ( $h^2$ ) y correlaciones genéticas deben incluir en sus estimaciones todos aquellos factores o efectos genéticos (Gallardo et al., 2010) o ambientales que tienen efecto sobre ellos como por ejemplo el sexo, la edad del pez o la jaula de cultivo. Un ejemplo de lo anterior lo podemos ver reflejado en el estudio de Yousefian (2008) para una población de trucha arcoíris *Onchorhynchus mykiss* donde los valores de heredabilidad cambian dependiendo de los efectos que se incluyan o no en sus estimaciones. Para el rasgo crecimiento,

evaluada en estadios tempranos, se estableció un valor de heredabilidad de de 0,19, cuando discrimino por sexo esta varió a 0,21 para hembras y de 0,16 para machos, luego disocio los resultados entre grupos de hermanos y medios hermanos y la heredabilidad variaron nuevamente en rangos de 0.093 a 0.223 para machos y 0,11 a 0,33 en hembras. Cuando se incluyó la edad de los peces este nuevamente cambio, siendo en hembras valores de entre 0,15-0,27 y en machos 0,13- 0,19. En salmones hemos podido confirmar de manera empírica que el sexo por ejemplo es un factor que influye en la expresión del fenotipo peso del pez, contribuyendo con diferencias cuantitativas muy importantes entre los peces, donde los machos pueden llegar a pesar un 30% más que las hembras en un mismo periodo de tiempo (Neira et al., 2004; Rye 1996, Guerrero et al., 2008; Acharya, 2011; Lillehammer et al., 2013). Otros efectos pueden ser considerados como covariables y también influyen sobre la expresión del rasgo, por lo que deben ser consideradas, como el peso de siembra o peso de ingreso de los smolts al mar, rasgo sobre el cual se acumula cada vez más evidencia respecto de su influencia positiva o correlacionada sobre del peso de cosecha final de los salmones (AVSChile – 2013). También se ha reportado como este peso de siembra influye sobre la tasa de crecimiento específico de los peces, según lo reporta el trabajo de Handeland et al. (2008).

Existen también otros tipos de covariables poco consideradas, como los son variables patológicas, que también pueden alterar estos parámetros, como por ejemplo, la presencia de cataratas en peces en cultivo. El origen de las cataratas es reconocido como un problema multifactorial, provocados por desequilibrios nutricionales asociados a periodos de rápido crecimiento, o por exposición luz prolongada, o factores genéticos, agentes tóxicos, traumas, etc. Es un tipo de deficiencia física, que se caracteriza por la opacidad parcial o total del cristalino, producida por la agregación de proteínas (Ersdall et al., 2001), con la consecuente disminución o pérdida de la visión, que conlleva a una menor capacidad del pez para captar o competir por el alimento, lo cual influye directamente sobre el crecimiento de estos. Lo anterior ha sido reportado para salmón del Atlántico, donde la presencia de cataratas se ha traducido en menores tasas de crecimiento (Menzies et al., 2002).

### **Origen del cultivo de Salmones y sus cepas.**

Según datos aportados por la FAO, el cultivo del salmón del Atlántico comenzó en agua dulce en el siglo 19 en el Reino Unido como un medio de repoblar las aguas y así aumentar los retornos silvestres para los pescadores. El cultivo en jaulas marinas fue desarrollado por primera vez a fines de los años 60 en Noruega para criar salmón del Atlántico hasta tamaño comercial (Noriss et al., 1999). Esta exitosa experiencia estuvo a cargo de la empresa Mowi A/S. Bergen y Grontvedt Brothers. Los buenos resultados económicos y productivos despertaron un gran interés, lo que estimuló el crecimiento acelerado de la naciente industria salmonera (Gjcdrcm et al., 1998). En 1971 el Departamento de Genética Animal y Agricultura de la Universidad de Noruega iniciaron las primeras experiencias de selección genética en poblaciones de Salmón del Atlántico, en su centro experimental de Sunndalsora and Averuy. Las cuales más tarde se transformarían en la empresa AKVAFORSK(Gjcdrcm et al., 1998).

Los éxitos tempranos en Noruega incitaron al desarrollo del cultivo del salmón en Escocia y, posteriormente, en Irlanda, Islas Faroe, Canadá, la costa noreste de USA

Chile y Australia (Tasmania). Una producción menor ocurre también en Nueva Zelanda, Francia y España. Todas las principales áreas de producción caen dentro de las latitudes 40-70° en el hemisferio norte y 40-50° en el hemisferio sur.

El éxito de los noruegos reflejó la disponibilidad de excelentes sitios profundos y protegidos, condiciones hidrográficas favorables (temperaturas y salinidades estables), cepas naturales de salmón que maduran tarde y fuerte respaldo gubernamental e inversión. Las cepas escocesas de salmón tienden a madurar temprano, reduciendo el valor de los peces al alcanzar tamaño comercial, así que las cepas noruegas fueron introducidas para reducir este problema. Generaciones de entrecruzamientos han resultado en cepas híbridas las cuales son ahora la norma en la mayoría de las áreas de producción. (Gjedren 2009). En Chile se ha establecido como un productor importante a nivel mundial desde que el salmón del Atlántico fue introducido desde Noruega y Escocia a principio de los 1980s.

### **Cepa Lochy**

Dentro de la variedad de cepas en cultivo a nivel mundial, en Chile se destaca la presencia de la cepa Lochy, cuyo origen silvestre, se remonta al río Lochy, en la localidad de Inverness-Shire ubicada en la región Highland en la costa oeste de Escocia (Johnston et al., 2000) (Cuadro 3). El stock mantenido en actualmente en Chile, perteneciente a la empresa Salmones Camanchaca, deriva de peces que fueron traídos por Marine Harvest, los cuales además fueron objeto de cierto grado de selección genética por parte de esta empresa entre los años 1993 a 1999 (Lhorente, 2001). Johnston et al. (2000 a), describe que la principal característica de esta cepa es su rápido crecimiento y su elevada tasa de maduración temprana o “grilsing”. Esta asociación entre madurez y crecimiento acelerado ha sido reportada en salmones (Guerrero y Bromage, 2008) y claramente no es una relación favorable para la industria, ya que la madurez temprana o acelerada es un rasgo no deseado por los productores de salmón, ya que se asocia a su vez a un deterioro en la calidad del producto final (McClare et al., 2007).

Cuando se comparan crecimientos entre cepas de maduración temprana y tardía (Johnston et al., 2000b) se puede ver a nivel muscular que existen diferencias marcadas en la estructura y cantidad de fibras musculares. Los diámetros y cantidad de fibras musculares son mayores en peces con alta tasa de crecimiento y podrían incidir de manera importante en la textura final del filete. En el caso de la cepa lochy la tasa de madurez puede alcanzar a más del 90% de la población antes de la llegada del segundo invierno en el mar (observación personal), lo cual restringe su producción a determinadas épocas del año.

## CAPITULO II: ARTÍCULO CIENTÍFICO

### **TITULO: Heredabilidad y correlaciones genéticas de rasgos de crecimiento, rendimiento y calidad en cepa Lochy de Salmón del Atlántico (*Salmo salar*)**

#### **RESUMEN**

En este estudio fueron estimadas la heredabilidad y las correlaciones genéticas en los principales rasgos de interés productivos asociados al crecimiento, rendimiento y calidad, en una población domesticada de salmón del Atlántico (*Salmo salar*) de la cepa Lochy. Para ello 199 familias correspondientes al programa de mejoramiento de la empresa Salmones Camanchaca fueron utilizadas, las cuales fueron cultivadas en un centro de cultivo marino y paralelamente en una piscicultura de agua dulce. Respecto de los peces cultivados en mar, se establecieron heredabilidades de magnitud medias y altas para rasgos asociados a crecimiento ( $0,29 \pm 0,04$  a  $0,43 \pm 0,05$ ) y rasgos de rendimiento cuantificados en función del peso de la canal ( $0,39 \pm 0,04$  a  $0,40 \pm 0,04$ ), los rasgos de rendimiento en términos porcentuales y de calidad tuvieron heredabilidades bajas ( $0,06 \pm 0,01$  a  $0,02 \pm 0,03$ ), salvo el rasgo color del filete de pescado TRIMD, que tuvo una heredabilidad media ( $0,22 \pm 0,05$ ). Las correlaciones genéticas y fenotípicas fueron altas entre los principales rasgos de crecimiento y rendimiento con rangos de 0,79 a 1,0, pero bajas y medias e incluso algunas negativas entre estos y aquellos asociadas a la calidad, con rangos entre 0,13 a -0,69. En el caso particular del color del filete de pescado TRIMD, este rasgo se deberá incluir mediante ponderadores económicos para ser considerado dentro de los criterios de selección.



#### 4. ABSTRACT

In this study the heritability and genetic correlations of the principal productive traits of interest related to growth, yield and quality in a population of domesticated Atlantic salmon (*Salmo salar*) of Lochy strain were estimated. To do this, 199 families belonging to the company Salmones Camanchaca's breeding program were selected. The salmon was grown in a mariculture center as well as a freshwater fish farm. Regarding the fish farmed at sea, heritabilities of medium and high magnitude were established, for traits associated to growth ( $0.29 \pm 0.04$  to  $0.43 \pm 0.05$ ) and yield traits were quantified based on carcass weight ( $0.39 \pm 0.04$  to  $0.40 \pm 0.04$ ). Yield traits in terms of percentage and quality had low heritabilities ( $0.06 \pm 0.01$  to  $0.02 \pm 0.03$ ), except for the color trait of TRIMD fish fillet, which had an average heritability ( $0.22 \pm 0.05$ ). Genetic and phenotypic correlations were high between the main growth and yield traits of ranges 0.79 to 1.0, but low and medium - some even negative -between them and those associated with quality, ranging from 0.13 to -0.69. In the particular case of TRIMD fish fillet color, this trait should be included in economic considerations to be regarded in the selection criteria.

## 5. INTRODUCCION

El Programa de Mejoramiento Genético (PMG) de la empresa Salmones Camanchaca se basa en una población de salmón del Atlántico (*Salmo salar*), cepa Lochy, adquirida en el año 2004. La estructura del programa se basa en tres líneas generacionales independientes, con poblaciones bases conformadas en los años 2006, 2007 y 2008, con ciclos reproductivos alternados de tres años (Figura 1). Cada línea está constituida a su vez por 200 familias de hermanos completos, con un sistema de apareamiento de 1:1. El origen silvestre de esta cepa se remonta al río Lochy, en la localidad de Inverness-Shire ubicado en la región Highland en la costa oeste de Escocia (Johnston et al., 2000). Entre las características distintivas de esta cepa se ha descrito un rápido crecimiento y su elevada tasa de maduración temprana o “grilising” (Johnston et al 2000). Debido a los riesgos sanitarios de mantener reproductores en el mar y como una forma de resguardar el patrimonio genético y los stocks de peces, la empresa mantiene el núcleo del programa y todos los reproductores de producción en un ciclo 100% de agua dulce. Este hecho ha requerido que para cada generación se deban trasladar al medio marino peces denominados “Centinelas” o “Informantes Productivos” (IP), representantes del 100% de las familias del programa, cuya función es aportar información de desempeño en los rasgos de interés, con el fin de vincular la selección y ranking anual de los mejores reproductores, con el ambiente natural de engorda (ambiente marino).

El mejoramiento genético es un elemento esencial en la acuicultura ya que permite mejorar la eficiencia del sistema mediante la selección de rasgos de interés económico, impactando en todo el modelo productivo (Duncan et al., 2013). Por tanto, todo carácter heredable y de relevancia económica debe ser incluido dentro de estos objetivos de mejoramiento, como tasa de crecimiento, color de la carne y resistencia a enfermedades entre otros (Gjedrem 2012).

Dentro de los rasgos asociados al crecimiento, el principal rasgo incorporado en los programas de selección y mejoramiento genético, ha sido el peso corporal, o su índice, la tasa de crecimiento específico (Hershberger et al., 1990; Neira et al., 1997; Gjedrem 2000). Para los rasgos de crecimiento se han establecido valores de heredabilidad intermedio a altos, por ejemplo, en *Salmo trutta caspius* se estimó una heredabilidad de 0,42 para peso corporal (Yousefian, 2012). El mismo autor determinó heredabilidades de 0,18 para crecimiento en estadios tempranos de trucha arcoíris *Oncorhynchus mykiss* (Yousefian, 2008). En salmones de cultivo se ha llegado a estimar valores de 0,52 (Tsai et al., 2015), pero lo más común es que este fluctúe entre 0,25 a 0,35 (Lillehammer et al., 2013). No se observan diferencias en los valores de heredabilidad en poblaciones de cultivo respecto de poblaciones silvestres, por ejemplo, en una población silvestre de salmón del atlántico se determinó para peso corporal una heredabilidad de 0,32 (Saura et al., 2010).

Otros rasgos de interés son aquellos relacionados al rendimiento y a la calidad del producto final. Respecto de los primeros, se han estimado heredabilidades medias a altas para peso filete de 0,12 a 0,53 de, peso cabeza 0,12 y peso vísceras de 0,30 a 0,52 (Powell et al., 2008; Mørkøre et al., 2001; Tsai et al., 2015) para peso de canal (HON) el rango varía entre 0,25 a 0,40 (Lhorente, 2001). Tsai et al. (2015) estimó una heredabilidad para peso filete en salmón del atlántico de 0,53. Estas heredabilidades alcanzan menor magnitud cuando los rasgos rendimiento son cuantificados como porcentajes, por ejemplo porcentaje de filete  $h^2 = 0,03$ , porcentaje cabeza  $h^2 = 0,01$  o

porcentaje de vísceras  $h^2=0,02$  (Powell et al., 2008). En otras especies, como *Sparus aurata*, se estimaron valores medios de heredabilidad para rasgos rendimiento de carcaza entre 0,17 a 0,24, y para rendimiento de filete de 0,11 (García et al., 2015). Respecto de los rasgos asociados a la calidad se destaca el color de filete y la madurez sexual en salmones, rasgos sobre los cuales se han establecido que tienen un importante componente heredable y por tanto son susceptibles de ser mejorados genéticamente. En el caso del color se han descrito heredabilidades de 0,21 (Lhorente 2001), 0,29 (Peñaloza et al., 2013), y 0,32 (Powell et al., 2008), mientras que para madurez se han estimado entre 0,32 a 0,33 (Lillehammer et al., 2013). Para contenido graso en el músculo se ha determinado heredabilidad intermedia de 0,17 (Peñaloza 2013). Otros rasgo de calidad como textura o gaping, se han cuantificado heredabilidades bajas en torno a 0,03 (Lhorente 2001, Acharya 2011).

En el proceso de mejora genética, resulta fundamental contar con información base que permita orientar la selección, intentando combinar rasgos con heredabilidades medias y altas, correlaciones favorables entre ellos y que además contribuyan con el beneficio económico para la empresa. En este sentido se han reportado correlaciones genéticas y fenotípicas positivas de mediana magnitud en rasgos como tasa de crecimiento y madurez sexual (Lillehammer et al., 2013), correlación genética positiva de mediana intensidad entre crecimiento y color de filete (Cheryl et al., 2005; Acharya 2011; Baranski et al., 2010; Vieira et al., 2007), relación fenotípica positiva entre crecimiento y contenido graso (Cheryl et al., 2005) y correlación genética positiva de mediana magnitud entre peso cosecha y peso filete (Powell et al., 2008). Powell et al. (2008) establece una correlación genética media entre color y peso a la cosecha ( $r_g = 0,51$ ) y entre color y producción de filete ( $r_g = 0,61$ ), misma relación pero menos intensa establece Acharya en el 2011 y Vieira el 2007.

Otro tipo de correlaciones de interés, es la estimación de la correlación genética de un mismo rasgo pero medido en dos ambientes distintos, lo que implica determinar si el mejor genotipo medido en un ambiente es también el mejor en el otro, relación conocida como interacción fenotipo/ambiente (Falconer y Mackay 1996). Considerando que en Chile los salmones son cultivados en ambientes diversos, como estuarios, zonas marinas, zonas australes, resulta de gran interés determinar este tipo de interacción. Si los valores correlacionados entre rasgos en distintos ambientes son altos, entonces la expresión del genotipo será la misma en ambos ambientes (Falconer y Mackay 1996). Sae-Lim et al. (2015), recopiló información de 38 especies de peces de cultivo, mostrando que para el rasgo crecimiento la correlación genética ponderada va de moderada a alta ( $r_g = 0,72$ ), lo mismo que para el rasgo primera madurez sexual y la apariencia del pez ( $r_g = 0,82$ ), por tanto se espera que la mejora genética evaluada en un ambiente sea eficaz en otros ambiente. Caso contrario a lo establecido para el rasgo sobrevivencia, donde el ambiente puede resultar determinante a la hora de seleccionar peces ( $r_g = 0,52$ ). En el caso de *Sparus aurata* (Lee-Montero et al., 2015) se estableció una interacción para crecimiento, deformidades y longitud de los peces. En trucha arcoíris (*Oncorhynchus mykiss*), se estableció una fuerte interacción genotipo ambiente para peso corporal entre peces cultivados en agua dulce y peces cultivados en dos centro de mar (Mar Báltico) (Sae-Lim et al., 2014). En el presente trabajo se pretende estimar parámetros genéticos de heredabilidad y correlaciones genéticas en rasgos de crecimiento, rendimiento y calidad en la cepa Lochy de Salmón del Atlántico.

## 6. HIPÓTESIS DE TRABAJO

Rasgos de crecimiento y rendimiento presentan mayor varianza genética aditiva que rasgos calidad en la cepa Lochy.

Existe una alta correlación genética entre rasgos de crecimiento y rendimiento ( $> 0,7$ ), pero baja ( $< 0,3$ ), entre estos rasgos y aquellos rasgos relacionados con la calidad en la cepa Lochy.

El crecimiento de las familias de la cepa Lochy, cultivados en agua dulce y agua mar, están directamente correlacionados fenotípicamente y genéticamente ( $> 0,7$ ).

## 7. OBJETIVOS

### Objetivo General

Estimar parámetros genéticos de heredabilidad y correlaciones genéticas en rasgos de crecimiento, rendimiento y calidad en cepa Lochy de salmón de Atlántico.

### Objetivos Específicos

- 1.- Estimar las heredabilidades para rasgos relacionados al rendimiento, crecimiento y calidad.
- 2.- Estimar correlaciones genéticas y fenotípicas para rasgos relacionados al rendimiento, crecimiento y calidad.
- 3.- Determinar qué efectos fijos, aleatorios o covariables inciden en la expresión de los rasgos relacionados al rendimiento, crecimiento y calidad.
- 4.- Estimar correlaciones genéticas y fenotípicas de rasgos de crecimiento en peces cultivados en agua dulce y agua mar.

## 8. MATERIALES Y METODO

### Población de Estudio

El presente estudio se basó en una población de Salmon del Atlántico (*Salmo salar*) de la cepa Lochy (Johnston et al., 2000), perteneciente al Programa de Mejoramiento Genético de la empresa Salmones Camanchaca. El programa de mejora genética está conformado por tres poblaciones base denominadas líneas 1, 2 y 3, originadas en los años 2006, 2007 y 2008 respectivamente. Desde el inicio del programa, estas líneas mantuvieron como poblaciones cerradas e independientes, con un intervalo generacional de tres años (Figura 1).

El periodo de desove de estos peces comprende entre mediados del mes de mayo a comienzo de julio, las cruzas generadas durante el proceso y sus huevos son mantenidos e incubados de manera independiente, hasta alcanzar el estado de ova con ojo. En el caso de los peces que darán continuidad al programa, estas cruzas son conformadas por un macho y una hembra con pedigrí, seleccionados para tal propósito, con el menor nivel de parentesco posible.

Una vez que las ovas han completado su desarrollo embrionario (500 unidades térmicas acumuladas, UTA), son trasladados a unidades de eclosión individualizadas, en las cuales son mantenidas hasta el estado de alevín para primera alimentación, con saco vitelino absorbido, estado conocido también por su nombre en inglés “start feeding”. Todo este proceso, desde el desove hasta la absorción del saco vitelino, se desarrolla íntegramente en la Piscicultura “Río del Este” ubicado en la región de Los Lagos (-41.386667, -72.28425) comuna de Puerto Varas y tiene una duración aproximada de 4 meses.

Completado el proceso de desove, durante el mes de septiembre, 200 cruzas de un total aproximado de 300 disponibles, son seleccionadas como familias, para posteriormente ser trasladadas en estado de “start feeding” a la Piscicultura “Polcura” ubicada en la zona de Los Ángeles, región del Bío Bío (-37.302583, -71.659003) donde son cultivadas hasta alcanzar su madurez sexual, dando así continuidad al programa de reproducción y genética de la empresa.

Durante su primera etapa, los peces son mantenidos en estanques individuales a razón de una familia por estanque de cultivo, con el fin de criarlos hasta un peso tal que permita su marcaje. Durante el mes marzo del año siguiente, y con peces de peso promedio aproximado de entre 15 a 20 gr, un número de 60 a 70 peces por familia, son marcados e individualizados usando para ello un dispositivo electromagnético denominado pit-tag, (transpondedor integrado pasivo), utilizando el sistema de aplicación recomendado por Larsen (2013). Una vez marcados, los peces son derivados a espacios comunes, estanques o raceways, donde son cultivados hasta alcanzar su estado adulto, cercanos a su primera madurez sexual, aproximadamente 20 meses desde el marcaje.

Una característica particular del diseño de este Programa de Mejoramiento Genético, es que los peces son criados durante todo su ciclo de vida en estanques en tierra con suministro de agua dulce. Por esta razón, y para hacer evaluaciones genéticas más precisas de rasgos de interés como crecimiento, rendimiento y calidad, alcanzada la esmoltificación, entre los meses de septiembre y octubre de cada año, una cantidad de 30 a 40 peces, representantes de cada una de las familias del programa, son separados

de la población y sembrados como smolt en centros de engorda en el mar. A este grupo se les denomina “Informantes Productivos” (IP)

### Genealogía

Los peces del estudio corresponden a la primera generación de selección de la Línea 3 del programa. Esta población fue constituida en el año 2011 (población base 2008) y está formada por 193 familias, con 193 padres y 193 madres (Cuadro 1). 15.920 peces fueron marcados con pit-tag a razón aproximada de 83 peces por familia, de este total, 5.455 individuos, representantes del 100% de las familias (28 peces por familia), fueron sembrados y distribuidos equitativamente en dos jaulas (jaula 1 y jaula 2) de cultivo y mezclados con peces de producción. El resto de peces marcados de esta población, equivalente a 10.475 peces, se mantuvieron en la “Piscicultura Polcura”, a razón aproximada de 54 peces por familia.

**Cuadro 1.** Población fundadora (2008) y primera generación mejorada (2011) de la línea 1 del PMG de Salmones Camanchaca, cepa Lochy.

Clase año	Generación	Padres	Madres	Descendencia
2008	F0	200	200	9.000
2011	F1	193	193	15.920

Los peces fueron sembrados el 2 de septiembre del 2012, en el Centro de Cultivo Porcelana, ubicado en el Fiordo Comau ((-42.467389,-72.445961). Como medida adicional de reconocimiento, y con el fin de diferenciarlos externamente, a estos peces informantes se les corto la aleta adiposa. El peso de los smolts sembrados fue de  $131,5 \text{ g} \pm 34,7$ , sin diferencia de peso entre las jaulas al momento de la siembra.

Los peces IP se cultivaron por un periodo de 13 a 14 meses, siendo cosechados en Octubre (jaula 1) y Noviembre (jaula 2) del año 2013, y trasladados para su faenamiento a la planta primaria “Planta San José” ubicada en Calbuco, región de los Lagos (-41.788039,-73.190528) y luego trasladados a la planta de elaboración secundaria (Planta Tome) ubicada la ciudad de Tomé, región del Bio Bio (-36.623692,-72.937769). En ambas plantas de proceso, se montaron líneas de trabajo donde se registraron y cuantificaron una serie de rasgos de interés, asociados al crecimiento, rendimiento y calidad de los peces.

### Rasgos Evaluados

Se efectuaron dos grupos de mediciones, los peces mantenidos en agua dulce fueron censados vivos en cuatro oportunidades durante su ciclo de vida (alevines, smolt, adulto y reproductor), y los informantes fueron censados muertos durante el proceso de cosecha y faenamiento. Los rasgos medidos fueron los siguientes:

**Peso Alevin (PALE):** Peso del pez vivo en gr, en estado de alevin, cuantificado en Centro Polcura durante el proceso de marcaje con pit-tag (rasgo crecimiento).

**.Peso Smolt (PSMOLT):** Peso del pez vivo en gr, en estado de smolt, cuantificado en Centro Polcura antes de su traslado al mar (rasgo crecimiento).

**Peso Adulto (PADU):** Peso del pez vivo en gr, cultivado en Centro Agua Dulce, registrado a la edad aproximada de 1,8 años de vida, o a los 12 a 13 meses post marcaje como alevin (rasgo crecimiento).

**Peso Reproductor (PREP):** Peso del pez vivo en gr, cultivado en Centro Agua Dulce, registrado a la edad aproximada de 2,4 años de vida, o a los 18 a 19 meses post marcaje como alevin meses antes de su primera madurez sexual (rasgo crecimiento).

**Peso (WFE, Whole Fish Equivalent ):** Peso del pez en gr entero desangrado, también denominado peso cosecha (rasgo crecimiento). (Figura 2)

**Peso Mar (PMAR):** Rasgo equivalente al WFE, pero cuyo periodo de tiempo abarca entre el peso de marcaje como alevín hasta su cosecha en el mar, es decir desde 19 a 20 meses (rasgo crecimiento).

**Tasa Específico Crecimiento (SGR, Specific Growth Rate ):** Crecimiento diario de un pez, estimado a través de la fórmula  $SGR = (\ln p2 - \ln p1)/(t2 - t1) \times 100$  (Pennell y Borton, 1996) donde  $p2$  corresponde al peso final,  $p1$  al peso inicial, y  $t1$  y  $t2$  corresponde al periodo de cultivo (rasgo crecimiento).

**Crecimiento Diario (GRD, Gramos Día ):** Promedio de ganancia diaria de peso del pez expresada como gr/día  $GRD = (WFE - PSMOL) / \text{Dias Cultivo}$  (rasgo crecimiento).

**Longitud Corporal (LC):** Longitud de horquilla en cm medida desde el extremo cefálico hasta la horquilla de la aleta caudal (rasgo crecimiento).

**Factor de Condición (K):** Corresponde a la relación que existe entre peso corporal del pez y su longitud corporal,  $K = (PC/LC^3) \times 100$ . Se evalúa en  $g/cm^3$  y es un indicador que da cuenta de la forma del pez (Le Cren, 1951, citado por Gjerde, 1989) (rasgo calidad).

**Peso Eviscerado (HON, Head On ):** Peso del pez registrado en gr con cabeza excluidas vísceras, riñón y gónadas. Es una medida de rendimiento, rasgo también conocido como “la canal” del pez, (rasgo rendimiento). (Figura 3)

**Peso Eviscerado Sin Cabeza (HG, Headed Gutted ):** Peso pez registrado en gr, excluido la cabeza, vísceras y gónadas, es una medida asociada al rendimiento, (rasgo rendimiento). (Figura 4)

**Peso Filete Trim D (TRIMD):** Peso filete elaborado, registrado en gr, también llamado “filete de máximo rendimiento”, se caracteriza por no poseer belly ni membrana peritoneal, figura 4 (rasgo rendimiento). (Figura 5)

**Rendimiento de Canal (RHON):** Es la relación porcentual que existe entre el peso eviscerado en función al peso de cosecha, donde  $RHON = (HON/WFE) \times 100$  (rasgo rendimiento).

**Rendimiento Canal Sin Cabeza (RHG):** Es la relación porcentual que existe entre el peso eviscerado en función al peso de cosecha, donde  $RHG = (HG/WFE) \times 100$  (rasgo rendimiento).

**Rendimiento Filete (RTRIMD):** Es la relación porcentual que existe entre el peso del filete en función del peso de cosecha, donde  $RTRIMD = (TRIMD/WFE) \times 100$ . (rasgo rendimiento).

**Peso Gónada (PGON):** Peso de las gónadas del pez medido en gr (rasgo rendimiento).

**Índice Gonadosomático (IGS):** Es la relación porcentual que existe entre el peso de las gónadas y el peso de la cosecha ( $IGS = PGON/WFE$ ).

**Gaping (GAP):** Separación entre el tejido muscular y el tejido conectivo, medido como longitud de abertura en cm, cuantificado a través del análisis digital de imágenes (rasgo calidad). (Figura 7)

**Descamación (DES):** Determinación subjetiva en función de la pérdida de escamas en la superficie de la piel del pescado, categorizado en 4 niveles de 1 a 3, donde 0 es considerado sin descamación (0% a 10% de pérdida escamas en superficie) .(rasgo calidad).

**Textura Filete (TXT):** Presión que resiste el filete al rompimiento mecánico, medido por unidad de superficie,  $\text{kgcm}^{-2}$  (rasgo calidad).

**Color Filete (COL):** Carácter evaluado en el musculo del salmón, mediante comparación de patrón de colores, usando como referencia escala SalmoFan 20-34 construidos por Hoffman La Roche para filete de salmón del Atlántico, cuantificado a través del análisis digital de imágenes, (rasgo calidad). (Figura 10).

**Madurez (MAD):** Determinación subjetiva en función de características externas del pez, como coloración, presencia de gancho y protrusión del poro urogenital, categorizando con valor 0 a los peces inmaduros y 1 a peces con algún rasgo de madurez (rasgo calidad).

En el caso particular de la estimación del gaping y color en filetes, se utilizó una metodología desarrollada por la empresa Quality Metrics, mediante la utilización de un software llamado "Fillet Control", diseñado para la medición de parámetros físicos relacionados a la calidad de la carne de salmónidos (Yam et al., 2004; Leon et al., 2006; Misimi et al., 2007; Mendoza et al., 2006). Para este propósito se tomaron fotografías de alta resolución las que fueron procesadas con el software. Los filetes fueron ubicados sobre una base plástica blanca, mientras que la cámara y los focos de iluminación se ubicaron a 60 (cm) de distancia de la base (Figura 6). El software es capaz de determinar el área del filete y de las zonas que presentan gaping, para facilitar la ubicación y comparación de estas zonas con gaping, se dividió el filete en zonas dorsal y ventral, luego cada zona se sub-dividió horizontalmente en 10 subzonas de igual longitud denominadas deciles. La zona superior corresponde a los deciles dorsales (Dd) y la zona inferior a los deciles ventrales (Dv). Posteriormente se calculó el porcentaje de gaping ubicado en cada uno de estos deciles, respecto del gaping total del filete. (Figura 8)

El color de la carne del filete fue representado según la escala Salmofan Lineal (Roche Company), ocupada rutinariamente por la industria salmonera, mediante regla de color



SalmoFan rango 20-34, construidos por Hoffman La Roche para filete de salmón del Atlántico, cuantificado a través del análisis digital de imágenes, mediante asignación de color de la paleta para cada pixel establecido en el filete. El color del filete es el promedio del color asignado a cada pixel (Figura 10).

### **Análisis estadísticos y estimación de parámetros genéticos**

Se realizaron análisis de varianza (procedimiento `lm()`) en el ambiente de análisis matemático R, (<https://cran.r-project.org>, Rstudio) para determinar la magnitud de algunos efectos sobre los rasgos estudiados, como sexo, jaula, peso smolt, cataratas, madurez y peso cosecha, este último asociado principalmente a rasgos de rendimiento. La cuantificación de cataratas se realizó siguiendo la metodología descrita por Bjerkas (1999), quien estableció un registro de niveles o grados de cataratas para cada ojo, escala 0 a 4, donde 0 es sin presencia de cataratas y 4 representa el nivel con mayor opacidad, esto es, por sobre el 75% de opacidad del lente. La suma de ambos ojos (cataratas ojo izquierdo + cataratas ojo derecho) será el nivel de catarata total que presente el pez. Para todos los caracteres analizados se efectuaron dósimas para comprobar la normalidad de los datos, mediante pruebas de bondad de ajuste de Shapiro-Wilks y el gráfico Quartil-Quartil. Los datos que no cumplían fueron transformados mediante logaritmos en base 10 ( $X' = \log X$ ) y en la transformación de los valores porcentuales se utilizó Arcoseno o angular ( $X' = \arcseno X^{1/2}$ ). Se realizaron prueba de Bartlett y Fligner para estimar homocedasticidad de varianza.

Los métodos para la estimación de heredabilidad ( $h^2$ ) y de correlaciones genéticas ( $r_G$ ) se basaron en la aplicación de modelos mixtos o modelos animales (Elvingson y Johansson, 1993), los cuales permiten introducir en la ecuación de estimación efectos fijos y aleatorios, junto con la información genealógica de todos los individuos de la población, y con esto obtener una mejor precisión en la predicción de los valores genéticos aditivos y en la estimación de componentes de varianza. El modelo general usado en notación matricial fue:

$$y = Xb + Za + e$$

Donde  $y$  es el vector de observaciones para cada variable;  $b$  es el vector de efectos fijos, relacionados con " $y$ " a través de la matriz de diseño  $X$ ;  $a$  es el vector de efectos genéticos aditivos (valores de cría) relacionados con " $y$ ", a través de la matriz de diseño  $Z$ ,  $e$  es el vector de efectos residuales no estimados por  $Z$ . Efectos fijos significativos detectados en los análisis de la varianza fueron incluidos en el modelo. Los animales se incluyeron como un efecto aleatorio general para todos los rasgos y en algunos casos se consideraron otras covariables como por ejemplo peso smolt y nivel de cataratas.

Se establecerá como heredabilidad alta un  $h^2$  sobre 0,40; intermedia  $h^2$  entre 0,15 y 0,40 y  $h^2$  baja para valores menores a 0,15, siguiendo el patrón establecido por Cassell el 2009.

Se establecerá como correlación baja ente 0 a 0,40, media entre 0,45 a 0,55 y alta entre 0,60 a 1, independiente del signo ( Navarro et al., 2009a and Navarro et al., 2009b).

Se realizaron análisis univariado y bivariado utilizando máxima verosimilitud restringida (REML), mediante el uso de algoritmo del programa ASREML (Gilmour et al., 1999) para la obtención de los componentes de la varianza (genética y

ambiental). Se determinó además la correlación genética para el rasgo peso y tasa de crecimiento, medido en dos ambientes distintos, peces cultivados en agua dulce versus sus hermanos criados en mar. Para ello se consideró el peso WFE para los peces cultivados en mar, denominándolo en este caso peso mar (PMAR) para diferenciarlo de las otras mediciones de este estudio, y el peso adulto (PADU) y peso reproductor (PREP), no como un carácter único, sino como caracteres independientes, de manera de establecer heredabilidades para ambos y sus correlaciones genéticas correspondientes, donde, como lo indica Falconer y Mackay 1996; Si esta correlación es alta, las producciones en dos ambientes distintos equivale a uno solo y están determinadas casi por el mismo conjunto de genes. Para hacer comparables los datos en este caso se consideró como peso inicial el peso que tuvieron los peces cuando se efectuó el marcaje de las familias con pit-tag (marcaje en marzo 2012). Lo que equivale a establecer que a partir del marcaje, el peso adulto (PADU), fue cuantificado entre los 12 a 13 meses post marcaje, el peso reproductor (PREP), se cuantificó a los 18-19 meses y el PMAR (equivalente al WFE) fue cuantificado entre los 19 a 20 meses post marcaje.

## 9. RESULTADOS

### Rasgos de Crecimiento, Medias y Variación

Los promedio fenotípicos, desviación estándar y coeficiente de variación para los rasgos de crecimiento se muestran en el cuadro 2 y 3 y sus distribuciones se muestran en figuras 21 a la 25.

**Cuadro 2.** Numero de peces censados (N), Promedio fenotípicos (X), desviación estándar (DS) y coeficiente de variación de todos los rasgos evaluados por sexo.

	POBLACION TOTAL				HEMBRAS				MACHOS			
	N	X	DS	CV	N	X	DS	CV	N	X	DS	CV
<b>WFE</b>	4103	4298	1775	41,3	1942	4128	1547	37,5	2161	4450	1944	43,7
<b>SGR</b>	4103	0,795	0,1	12,6	1942	0,790	0,1	12,7	2161	0,800	0,1	12,5
<b>LC</b>	2699	71,6	7,9	11,0	1259	69,8	7	10,0	1440	73,1	8,2	11,2
<b>K</b>	2699	1,1	0,3	26,7	1259	1,2	0,3	25,5	1440	1,1	0,3	27,8
<b>HON</b>	3729	3892	1602	41,2	1781	3751	1394	37,2	1948	4021	1761	43,8
<b>HG</b>	3729	3453	1454	42,1	1781	3362	1285	38,2	1948	3536	1588	44,9
<b>TRIMD</b>	919	2685	1166	43,4	432	2628	1011	38,5	487	2735	1286	47,0
<b>RHON</b>	3729	91,6	2,1	2,3	1781	91,4	2,1	2,3	1948	91,9	2,1	2,3
<b>RHG</b>	3698	80,8	2,4	3,0	1764	81,3	2,3	2,8	1934	80,2	2,4	3,0
<b>RTRIMD</b>	919	61,7	4,4	7,1	432	62,7	4,1	6,5	487	60,8	4,4	7,2
<b>PGON</b>	4032	26,9	29,2	108,7	1920	42,1	34,1	81,0	2112	13,0	13,2	101,4
<b>IGS</b>	4032	0,6	0,6	101,7	1920	0,9	0,6	64,7	2112	0,3	0,3	105,9
<b>GAP</b>	998	6,8	7,1	104,0	470	7,2	7,4	102,9	528	6,5	6,8	104,6
<b>DESC</b>	3728	1,7	0,9	53,4	1781	1,6	0,8	48,6	1947	1,7	0,9	52,3
<b>TXT</b>	894	7,0	1,3	18,7	422	6,9	1,3	18,9	472	7,0	1,3	18,5
<b>COLOR</b>	982	25,8	1,4	5,4	464	25,8	1,4	5,4	518	25,9	1,3	5,0

WFE=Peso Cosecha, SGR=Tasa Crecimiento, LC=Longitud Corporal, K=Índice de Condición, HON=Pescado Eviscerado con Cabeza, HG=Pescado Eviscerado sin Cabeza, TRIMD=Peso Filete, RHON=%Rendimiento Eviscerado con Cabeza, RHG=%Rendimiento Eviscerado sin Cabeza, RTRIMD=%Rendimiento Filete, PGON=Peso Gónada, IGS=Índice Gonadosomático, GAP=Gaping, DESC=Descamación, TXT=Textura, COLOR= Color Filete.

**Cuadro 3.** Numero de peces censados (N), Promedio fenotípicos (X), desviación estándar (DS) y coeficiente de variación de todos los rasgos evaluados por jaula.

	JAULA 1				JAULA 2			
	N	X	DS	CV	N	X	DS	CV
<b>WFE</b>	1903	4226	1677	39,7	2200	4359	1853	42,5
<b>SGR</b>	1903	0,81	0,1	13,2	2200	0,78	0,1	13,4
<b>GRD</b>	1903	9,8	4,0	40,8	2200	9,6	4,2	43,7
<b>LC</b>	499	70,5	8,1	11,6	2200	71,8	7,8	10,8
<b>K</b>	499	1,2	0,2	20,5	2200	1,1	0,3	26,2
<b>HON</b>	1738	3819	1520	39,8	1991	3956	1668	42,2
<b>HG</b>	1738	3396	1382	40,7	1991	3502	1512	43,2
<b>TRIMD</b>	414	2670	1125	42,2	505	2697	1198	44,4
<b>RHON</b>	1738	91,2	2,0	2,2	1991	92,1	2,1	2,3
<b>RHG</b>	1717	80,5	2,4	3,0	1981	81,0	2,4	2,9
<b>RTRIMD</b>	414	61,5	4,6	7,5	505	61,9	4,2	6,7
<b>PGON</b>	1890	22,8	19,6	86,1	2142	30,5	35,2	115,7
<b>IGS</b>	1890	0,5	0,4	79,6	2142	0,6	0,7	107,4
<b>GAP</b>	425	6,0	6,1	102,3	573	7,5	7,7	103,1
<b>DESC</b>	1737	1,9	0,9	46,2	1991	1,5	0,8	53,3
<b>TXT</b>	388	7,1	1,4	20,5	506	6,9	1,2	17,6
<b>COLOR</b>	410	26,5	1,5	5,7	572	25,4	1,0	3,8

WFE=Peso Cosecha, SGR=Tasa Crecimiento, GRD= Gramos Dia, LC=Longitud Corporal, K =Índice de Condición, HON=Pescado Eviscerado con Cabeza, HG=Pescado Eviscerado sin Cabeza, TRIMD=Peso Filete, RHON=%Rendimiento Eviscerado con Cabeza, RHG=%Rendimiento Eviscerado sin Cabeza, RTRIMD=%Rendimiento Filete, PGON=Peso Gonada, IGS=Indice Gonadosomático, GAP=Gaping, DESC=Descamación, TXT=Textura, COLOR= Color Filete.

El peso promedio a la cosecha (WFE) fue de  $4297 \pm 1174$  g, los machos tuvieron un peso mayor que las hembras con  $4450 \pm 1944$  g vs  $4127 \pm 1547$  g ( $P < 0,001$ ), con un 7,3% diferencia. También se establecieron diferencias significativas en los pesos promedio entre jaulas ( $P < 0,0011$ ), donde los peces cosechados desde la jaula 1, alcanzaron un peso promedio de  $4226 \pm 1677$  g (machos =  $4442 \pm 1850$  g; hembras =  $3993 \pm 1432$  g, con una diferencia del 11% en favor de los machos). La jaula 2, promedió  $4359 \pm 1853$  g (machos =  $4457 \pm 202$  g; hembras =  $4247 \pm 1633$  g, con una diferencia de un 5% en favor de los machos, (Figura 16). A pesar del mayor tiempo de cultivo el peso promedio para el sexo macho fue igual entre las jaulas ( $p > 0,05$ ), en las hembras en cambio, hubo diferencia entre las jaulas de casi 250 gr ( $P < 0,001$ ). El coeficiente de variación para este rasgo fue alto en todas las jaulas y para ambos sexos (40% para jaula 1, 43% para jaula 2, 37% para hembras y 44% para machos).

La longitud del cuerpo (LC) y el índice de condición (K) (Figura 24 y 25), promediaron  $72,6 \pm 7,85$  cm y  $1,12 \pm 0,28$  respectivamente. En la LC hubo diferencia altamente significativa en favor de los machos de aproximadamente 3cm con un LC Machos =  $73,1 \pm 8,2$  cm, LC Hembras =  $69,8 \pm 7,0$  cm) ( $P < 0,001$ ). El índice de condición (K) para la jaula 1 fue de  $1,18 \pm 0,24$ , en la jaula 2 el valor cuantificado fue de  $1,11 \pm 0,29$ . Diferencias significativas fueron establecidas para este carácter entre las jaulas y entre los sexos ( $P < 0,01$ ). En la jaula 2 se establecieron la mayores

diferencias entre los sexos, con un valor para hembras de  $1,17 \pm 0,29$  cm y en machos de  $1,06 \pm 0,28$  cm.

La tasa de crecimiento estimada para la población fue de  $0,80 \pm$

$^{-1}$  ( $P < 0,01$ ) y entre las jaulas también se establecen diferencias significativas (SGR jaula 1 =  $0,81 \pm$   $^{-1}$ ; SGR jaula 2 =  $0,78 \pm$   $^{-1}$ , (Cuadro 4).

**Cuadro 4.** Nivel de significancia estadística de los efectos fijos (Jaula y Sexo) y covariables (Cataratas, Peso Smolt ) sobre los rasgos.

lm(RASGO ~ JAULA+SEXO+CATARATAS+PSMOLT)

RASGO	JAULA	SEXO	CATARATAS	PSMOLT
WFE	P<0,000 <sup>a</sup>	P<0,000 <sup>a</sup>	P<0,000 <sup>a</sup>	P<0,000 <sup>a</sup>
SGR	P<0,000 <sup>a</sup>	P<0,000 <sup>a</sup>	P<0,000 <sup>a</sup>	P<0,000 <sup>a</sup>
GRD	Ns	P<0,000 <sup>a</sup>	P<0,000 <sup>a</sup>	P<0,000 <sup>a</sup>
LC	P<0,000 <sup>a</sup>	P<0,000 <sup>a</sup>	P<0,000 <sup>a</sup>	P<0,000 <sup>a</sup>
K	P<0,000 <sup>a</sup>	P<0,000 <sup>a</sup>	P<0,000 <sup>a</sup>	P<0,000 <sup>a</sup>
HON	P<0,000 <sup>a</sup>	P<0,000 <sup>a</sup>	Nd	Nd
HG	P<0,000 <sup>a</sup>	P<0,000 <sup>a</sup>	Nd	Nd
TRIMD	P<0,01 <sup>b</sup> 1	P<0,000 <sup>a</sup>	Nd	Nd
RHON	P<0,000 <sup>a</sup>	P<0,000 <sup>a</sup>	Nd	Nd
RHG	P<0,000 <sup>a</sup>	P<0,000 <sup>a</sup>	Nd	Nd
RTRIMD	Ns	P<0,000 <sup>a</sup>	Nd	Nd
PGON	P<0,000 <sup>a</sup>	P<0,000 <sup>a</sup>	Nd	Nd
IGS	P<0,000 <sup>a</sup>	P<0,000 <sup>a</sup>	Nd	Nd
GAP	P<0,000 <sup>a</sup>	Ns	Nd	Nd
DESC	P<0,000 <sup>a</sup>	P<0,000 <sup>a</sup>	Nd	Nd
TXT	P<0,05 <sup>c</sup>	P<0,01 <sup>b</sup>	Nd	Nd
COLOR	P<0,000 <sup>a</sup>	Ns	P<0,01 <sup>b</sup>	Nd

WFE=Peso Cosecha, SGR=Tasa Crecimiento, GR= Gramos Dias, LC=Longitud Corporal, K=Índice de Condición, HON=Pescado Eviscerado con Cabeza, HG=Pescado Eviscerado sin Cabeza, TRIMD=Peso Filete, RHON=%Rendimiento Eviscerado con Cabeza, RHG=%Rendimiento Eviscerado sin Cabeza, RTRIMD=%Rendimiento Filete, PGON=Peso Gonada, IGS=Índice Gonadosomático, GAP=Gaping, DESC=Descamación, TXT=Textura, COLOR= Color Filete. NS=No Significativamente distinta de cero ( $P > 0,05$ ), ND= No determinado.

<sup>-1</sup> de cultivo mayor en macho que en hembras y en jaula 1 que en jaula 2.

En el caso de los peces cultivados en agua dulce, los rasgos de crecimiento se resumen en el Cuadro 5. El peso promedio al estado adulto (PADU) fue de  $1327 \pm 298$  g. En esta etapa ya se observa una diferencia significativa entre machos y hembras ( $P < 0,001$ ), donde los primeros tienen un peso promedio de  $1398 \pm 372$  g y las hembras  $1293 \pm 248$  g, diferencia que se acrecienta cuando llegan al estado de reproductor (PREP) en que los machos alcanzan un 41% más de peso que las hembras ( $5594 \pm 1149$  g vs  $3966 \pm 849$  g). El resto de rasgos (SGR, GRD, LC) siguen la misma tendencia, es decir, ser mayores en machos que en hembras.

**Cuadro 5.** Numero de peces censados (N), Promedio fenotípicos (X), desviación estándar (DS) y coeficiente de variación de los rasgos evaluados en la etapa de agua dulce por sexo.

	POBLACION TOTAL				HEMBRAS				MACHOS				
	N	X	DS	CV	N	X	DS	CV	N	X	DS	CV	
A D U L T O	PADU	3184	1327	298	22,5	2148	1293	248	19,2	1036	1398	372	26,6
	SGR	3184	0,97	0,06	6,	2148	0,97	0,05	5,2	1036	0,98	0,08	8,1
	GRD	3184	3,37	0,77	22,8	2148	3,3	0,6	19,4	1036	3,6	1,0	27,0
	LC	3184	44	3	7,1	2148	44,0	2,6	5,9	1036	45	4	8,7
	K	3184	1,5	0,1	6,9	2148	1,5	0,1	6,4	1036	1	0	7,5
R E P R O D U C T O R	PREP	2890	4384	1175	26,8	2148	3966	849	21,4	742	5594	1149	20,5
	SGR	2890	0,80	0,04	5,3	2148	0,78	0,04	4,5	742	0,83	0,04	4,8
	GRD	2890	7,1	1,9	26,5	2148	6,4	1,4	21,1	742	9,0	1,8	20,6
	LC	2890	64,7	5,2	8,1	2148	62,7	4,0	6,3	742	70,4	4,2	5,9
	K	2890	1,6	0,1	7,8	2148	1,6	0,12	7,4	742	1,6	0,14	8,7

PADU= Peso Adulto, PREP= Peso Reproductor, SGR= Tasa Crecimiento, GRD= Gramos Dias, LC= Longitud Corporal, K= Índice de Condición.

En el siguiente cuadro (Cuadro 6) se puede observar la comparación de crecimiento entre los peces cultivados en agua dulce y agua de mar, los días de cultivo para cada grupo analizado, considerado desde la fecha de marcaje como alevín fue para PADU de  $384 \pm 5$  días, en PREP de  $616 \pm 5$  días, y para los cultivados en mar WFE fue de  $581 \pm 12,5$  días. El peso promedio registrado en los PREP fue mayor que el registrado en agua mar para WFE, pero con 35 días de cultivo respecto del registro WFE. En medidas más comparable como SGR, GRD y LC se establecieron diferencias significativas ( $P < 0,001$ ) en favor de los peces cultivados en mar. No así respecto del índice de condición (K) donde se aprecia una diferencia sustancial ( $P < 0,001$ ) para los peces cultivados en agua dulce  $K = 1,6$  vs  $1,0$  de los peces cultivados en el mar.

**Cuadro 6.** Numero de peces censados (N), Promedio fenotípicos (X), desviación estándar (DS) y coeficiente de variación de los rasgos evaluados en los ambientes de agua dulce y agua de mar.

	AGUA DE MAR				AGUA DULCE							
	COSECHA				ADULTO				REPRODUCTOR			
	N	X	DS	CV	N	X	DS	CV	N	X	DS	CV
DIAS CULTIVO	-	581	12,5	2,1	-	384	5	1,3	-	616	5	0,8
PESO	4103	4298	1775	41,3	3184	1327	298	22,5	2890	4384	1175	26,8
SGR	4103	0,84	0,08	10,0	3184	0,97	0,06	6,3	2890	0,80	0,04	5,3
GRD	4103	7,3	3,0	41,4	3184	3,37	0,77	22,8	2890	7,1	1,9	26,5
LC	2699	71,6	7,8	10,9	3184	44	3	7,1	2890	64,7	5,2	8,1
K	2699	1,00	0,43	43,0	3184	1,5	0,1	6,9	2890	1,6	0,1	7,8

SGR=Tasa Crecimiento, GRD=Gramos Dias, LC=Longitud Corporal, K=Índice de Condición.

### Rasgos de Rendimiento, Medias y Variación

Los promedio fenotípicos, desviación estándar y coeficiente de variación para los rasgos de rendimiento se muestran en el Cuadro 2, y sus distribuciones se representan en las figuras 26 a 33. Para el peso HON el valor registrado fue de  $3892 \pm 1602$  g, con un RHON de  $91,64 \pm 2,11$  %, donde los efectos Sexo y Jaula, y la covariable WFE tuvieron influencia significativa ( $P < 0,001$ ) en ambos caracteres (Cuadro 4). El peso HG fue de  $3452 \pm 1453$  g, con un RHG de  $80,76 \pm 2,41$  %, los efectos Sexo, Jaula, Madurez y la covariable WFE tuvieron influencia significativa ( $P < 0,001$ ) en ambos caracteres (Cuadro 4). Las mayores variaciones fenotípicas fueron estimadas para los rasgos peso HON y peso HG, con un CV en torno al 40% similar al CV del rasgo WFE. En los rasgos RHON, RHG y RTRIMD cuantificados en términos porcentuales el CV fue bajo ( $< 7\%$ ). TRIMD tuvo un CV de 43% registrando un valor promedio de  $2.684 \pm 1165$  g, y su rendimiento porcentual promedio (RTRIMD) fue de  $61,7 \pm 4,39$  %. Se establecieron diferencias significativas en el TRIMD en función del WFE ( $P < 0,001$ ), Sexo ( $P < 0,001$ ) y la jaula de cultivo ( $p < 0,05$ ). Sexo, jaulas y peso WFE tuvieron un efecto significativo ( $P < 0,001$ ), sobre el rasgos RTRIMD (machos  $62,7 \pm 4,13$  % vs hembras  $60,8 \pm 4,43$  %). En cambio, la Jaula no tuvo efecto sobre el rendimiento RTIMD ( $p > 0,05$ ). Respecto del peso TRIMD el sexo tuvo una influencia significativa ( $P < 0,001$ ) en favor de los machos con  $2735 \pm 1761$  g vs  $2627 \pm 1394$  g para las hembras.

Respecto del peso de gónadas y el índice gonadosomático (IGS), los datos no tienen una distribución normal y presentan alto coeficiente de variación ( $CV > 60\%$ ). El IGS de la población fue de  $1,0 \pm 0,60$ , donde las hembras mostraron un desarrollo gonadal mayor que los machos (IGS Hembras =  $0,93 \pm 0,64$  %; IGS Machos =  $0,28 \pm 0,2$  %).

### Rasgos de Calidad, Medias y Variación

Los promedio fenotípicos, desviación estándar y coeficiente de variación para los rasgos de rendimiento se muestran en el cuadro 2 y la distribución de los rasgos en las figuras 34 a la 38. Los cuatro rasgos de calidad analizados gaping (GAP), descamación

(DESC), textura (TXT) y color (COL) se vieron influenciados transversalmente por el efecto jaula ( $p < 0,05$ ) (Cuadro 4). El peso cosecha (WFE) tuvo un efecto significativo y transversal sobre la expresión de COLOR, DESC y TXT ( $P < 0,001$ ). El sexo influyó sobre la DESC y TXT ( $p < 0,01$ ). El color tuvo un promedio de  $25,9 \pm 1,35$  puntos, con mayor frecuencia en el nivel 25 (Figura 38), con una influencia significativa de la jaula y el peso WFE ( $P < 0,001$ ) (Figura 39 y 40). La descamación medida en rangos de 1 a 3 presentó una mayor frecuencia en el nivel 1 (Figura 35), donde el peso, sexo y jaula tuvieron significancia ( $p < 0,001$ ) (Cuadro 4, Figura 36). El gaping (GAP) tuvo un valor promedio de  $7 \pm 7,1$  cm con alta variación en los registros, donde la única influencia significativa fue la jaula ( $P < 0,001$ ). En la figura 8 se puede observar visualmente el efecto jaula sobre la expresión del rasgo, y se observa que en ambos muestreos (jaula 1 y 2) el gaping no distribuye de forma homogénea sobre la superficie del filete, concentrándose principalmente en la zona dorsal (lomo) y menos hacia el extremo de la cola y el “belly” (Figura 8).

### **Efectos Fijos y Covariables**

El resumen de la significancias de los efectos fijos: jaula, sexo, y las covariables: cataratas, peso smolt y peso cosecha (WFE) se muestran en el Cuadro 4. Las relaciones lineales y no lineales de las covariables y sus ecuaciones correspondientes se encuentran representadas en las figuras 11 a la 14. La jaula y el sexo fueron los efectos que influyeron la mayoría de los 17 rasgos analizados, salvo en los casos gaping (GAP) y color (COL) donde el sexo no tuvo influencia significativa, y menos la jaula sobre GRD y RTRIMD. La jaula y el sexo tuvieron una influencia significativa sobre la expresión del peso WFE (figuras 15 y 16). Las cataratas tuvieron influencia directa sobre los rasgos de crecimiento (WFE, SGR, GRD, LC y K). Mediante el análisis de un modelo lineal general se pudo estimar que por cada punto de catarata registrado el peso a la cosecha se redujo en  $263,3 \pm 9,2$  g ( $P < 0,001$ ) (Figuras 14 y 15). El peso smolt tuvo influencia sobre el peso a la cosecha (WFE); se pudo determinar que el peso smolt influyó positivamente en el peso de cosecha, a razón de que por cada gramo de smolt se explican aproximadamente  $16,8 \pm 0,7$  gramos de peso cosecha ( $P < 0,001$ ) (Figura 11). Por último, el peso a la cosecha (WFE), analizado como covariable, fue significativo ( $P < 0,001$ ) para todos los rasgos de rendimiento y para los rasgos de calidad, excluido el gaping, como se grafica en las función lineal y no lineal de la figuras 12 y 13, donde el mejor ajuste de los datos corresponden al modelo no lineal.

### **Heredabilidades**

Los rasgos relacionados al crecimiento presentaron heredabilidades medias de 0,33, con bajo error estándar para las varianzas correspondiente. El rasgo con mayor heredabilidad fue la longitud con  $h^2 = 0,43 \pm 0,05$ . El valor más bajo fue para el índice de condición (K) con  $h^2 = 0,29 \pm 0,04$ . El peso WFE y el SGR tuvieron los mismos valores de  $h^2 = 0,31 \pm 0,03$  (Cuadro 7).



**Cuadro 7.** Heredabilidad (diagonal), correlaciones fenotípicas (sobre la diagonal) y correlaciones genéticas (bajo la diagonal) de rasgos de crecimiento *en agua de mar*.

	WFE	LONG	K	SGR	GR/D
WFE	<b>0,31± 0,03</b>	0,751	0,716	0,824	0,716
LONG	0,923	<b>0,43± 0,05</b>	0,141	0,824	0,716
K	0,924	0,742	<b>0,29± 0,04</b>	0,716	0,721
SGR	0,933	0,933	0,853	<b>0,31± 0,03</b>	0,721
GR/D	0,924	0,924	0,925	0,925	<b>0,32± 0,003</b>

WFE= Peso Cosecha, LC=Longitud Corporal, K=Índice de Condición, SGR=Tasa Crecimiento, GRD=Gramos Dias.

Las heredabilidades estimadas para los rasgos de rendimiento mostraron 2 tendencias claras, valores intermedios para los rasgos estimados en función del peso con  $h^2$  de  $0,39 \pm 0,07$  PFILETE,  $0,39 \pm 0,04$  HG, y  $0,40 \pm 0,04$  HON. Y valores más bajos, con heredabilidades de  $0,06 \pm 0,01$ , para los rasgos de rendimiento cuantificados como porcentaje, RHON, RHG y de  $0,15 \pm 0,05$  para RFILETE. Para los rasgos IGS y PGON los valores de  $h^2$  fueron  $0,12 \pm 0,02$  y  $0,22 \pm 0,03$  respectivamente (Cuadro 8).

**Cuadro 8.** Heredabilidad (diagonal), correlaciones fenotípicas (sobre la diagonal) y correlaciones genéticas (bajo la diagonal) de rasgos de rendimiento en planta.

RASGO	HON	HG	TRIMD	RHON	RHG	RTRIMD	PGON	IGS
HON	<b>0,40± 0,04</b>	0,999	0,986	0,908	0,802	0,274	0,490	0,178
HG	1,000	<b>0,39± 0,04</b>	0,980	0,997	0,48	0,440	0,431	0,155
TRIMD	1,000	0,660	<b>0,39± 0,07</b>	0,305	0,248	0,895	Nd	0,263
RHON	0,974	1,000	1,000	<b>0,06± 0,01</b>	0,878	0,200	Nd	Nd
RHG	0,804	0,65	1,000	0,851	<b>0,06± 0,01</b>	0,305	Nd	Nd
RTRIMD	0,178	0,945	1,000	0,580	1,000	<b>0,15± 0,05</b>	Nd	0,194
PGON	0,878	0,8543	Nd	Nd	Nd	Nd	<b>0,22± 0,03</b>	0,908
IGS	0,619	0,567	0,753	Nd	Nd	0,239	0,925	<b>0,12± 0,02</b>

HON=Pescado Eviscerado con Cabeza, HG=Pescado Eviscerado sin Cabeza, TRIMD=Peso Filete, RHON=%Rendimiento Eviscerado con Cabeza, RHG=%Rendimiento Eviscerado sin Cabeza, RTRIMD=%Rendimiento Filete, PGON=Peso Gonada, IGS=Índice Gonadosomático.

Para los rasgos de calidad (Cuadro 9) se establecen dos niveles de heredabilidades valores medio/bajo para color (COL),  $h^2 = 0,22 \pm 0,05$  y descamación (DES),  $h^2 = 0,22 \pm 0,03$  ambas con bajo error. Para gaping (GAP) y la textura (TXT) se estimaron valores bajos de heredabilidad en ambos casos, con errores estándar altos para la varianza genética ( $h^2 = 0,03 \pm 0,05$  y  $h^2 = 0,02 \pm 0,03$ ).

**Cuadro 9.** Heredabilidad (diagonal), correlaciones fenotípicas (sobre la diagonal) y correlaciones genéticas (bajo la diagonal) de rasgos de calidad en planta.

	COLOR	DESC	GAP	TXT
COLOR	<b>0,22± 0,05</b>	0,009	-0,044	0,11
DESC	-0,11	<b>0,22± 0,03</b>	0,03	-0,029
GAP	0,020	0,340	<b>0,03± 0,05</b>	-0,232
TXT	n/d	0,339	0,541	<b>0,02± 0,03</b>

COLOR= Color Filete. DESC=Descamación, GAP=Gaping, TXT=Textura.

### Correlaciones

Correlaciones genéticas y fenotípicas fueron estimadas dentro y entre rasgos en crecimiento, rendimiento y calidad. Para los rasgos de crecimiento, las correlaciones estimadas fueron altas y positivas, las correlaciones fenotípicas para los rasgos WFE, LONG, K, SGR y GRD tuvieron un rango entre 0,72 y 0,82, la correlaciones genéticas variaron entre 0,85 a 0,93 (Cuadro 7).

En los rasgos de rendimiento también se alcanzan correlaciones altas y positivas para aquellos caracteres expresados como peso, destacando valores de 1,0 para las correlaciones genéticas entre HON y TRIMD y HG (Cuadro 8). También existe una correlación fenotípica igual a 1,0 entre el rasgo HON y HG. Para las medidas de rendimiento cuantificadas como porcentaje, también se establecen correlaciones genéticas altas, sobre todo entre RHG vs RTRIMD y RHON ( $> 0,85$ ). La correlación fenotípica entre RTRIMD y RHG fue de 0,3 y la correlación genética fue igual a 1,0, en cambio la correlación fenotípica entre RTRIMD y RHON fue de 0,20 y genética de 0,58 (Cuadro 8). Todas las correlaciones genéticas entre rasgos de rendimiento expresados como peso (HON HG Y TRIMD) y rasgos de rendimiento expresados como porcentaje (RHON; RHG y RTRIMD) son altas y positivas  $>0,58$ , excepto la correlación genética entre peso HON y RTRIMD ( $r_G = 0,178$ ).

Las correlaciones fenotípicas y genéticas entre PGON e IGS son altas ( $>0,91$ ). Entre estos rasgos y los demás rasgos de rendimiento solamente se pudo establecer correlaciones bajas entre el IGS y RTRIMD la cual fue de 0,19 para la correlación fenotípica y de 0,24 para la correlación genética (Cuadro 8).

Entre los rasgos de calidad, textura (TXT), descamación (DES), gaping (GAP) y color filete (COL), se establecen en general valores de correlaciones fenotípicas muy bajas entre ellos, solo se destaca la correlación fenotípica negativa ( $r_G = -0,23$ ) entre textura (TXT) y gaping (GAP), con una correlación genética media alta de 0,54 (Cuadro 9). Para DESC con GAP y TXT se estimaron correlaciones genéticas medias de 0,34. Respecto del color de filete (COL) no se establecieron correlaciones genéticas de interés con otros rasgos.

También se estimaron otras correlaciones entre los principales rasgos productivos de interés económico, y que además tuvieron valores de heredabilidad medias/altas, como peso cosecha (WFE), peso eviscerado (HON), peso filete (TRIMD), rendimiento filete (RTRIMD), color filete (COL) y descamación (DES) (Cuadro 10).

**Cuadro 10.** Correlaciones fenotípicas y genéticas entre algunos rasgos de crecimiento, rendimiento y calidad.

CORRELACIONES FENOTIPICAS				CORRELACIONES GENETICAS			
	WFE	COL	DES		WFE	COL	DES
HON	1,00	-0,33	0,06	HON	1,00	-0,56	-0,09
HG	0,99	-0,48	-0,04	HG	0,99	-0,69	-0,09
TRIM D	0,99	0,05	0,06	TRIM D	0,99	-0,21	-0,09
RTRIMD	0,79	-0,01	0,01	RTRIMD	0,79	0,13	-0,01
WFE		0,06	0,12	WFE		-0,22	-0,18
COL			0,01	COL			-0,11

HON=Pescado Eviscerado con Cabeza, HG=Pescado Eviscerado sin Cabeza, TRIMD=Peso Filete, RTRIMD=%Rendimiento Filete, WFE=Peso Cosecha, COLOR=Color Filete.

La correlación genética entre WFE y los rasgos de rendimiento (HON, HG, TRIMD y RTIMD) fueron altas y positiva  $> 0,79$ , sin embargo la correlación fenotípica entre WFE y RTRIMD fue positiva pero baja ( $r_G = 0,20$ ). La descamación (DES) y el color de filete (COL) tienen una correlación genética negativa de diversas magnitudes respecto con los rasgos de peso (WFE, HON, TRIMD). Las correlaciones fenotípicas para el caso de DESC respecto de estos mismos rasgos fueron bajas. En el caso del COL vs el HON y HG se establece una correlación fenotípica negativa de -0,33 y -0,48 respectivamente y la genética con la misma tendencia -0,56 y -0,69, ambas de magnitud media a alta. Respecto del WFE la relación fenotípica con el color (COL) fue de baja magnitud y genéticamente negativa ( $r_G = -0,22$ )...

Las correlaciones genéticas y fenotípicas entre rasgos de crecimiento para el peso de los peces cultivados en agua dulce vs peces cultivados en mar fueron en general positivas y altas, cercanas a 1,0 entre los rasgos PMAR, PREP y PADU. El peso del pez adulto cultivado en agua dulce por ejemplo (PADU) tuvo una correlación genética alta ( $r_g \geq 0,9$ ) con los rasgos de peso PMAR, PREP, y de magnitud media/baja para la correlación fenotípica ( $r_g < 0,32$ ) (Cuadro 11).

**Cuadro 11.** Heredabilidad (diagonal), correlaciones fenotípicas (sobre la diagonal) y correlaciones genéticas (bajo la diagonal) de rasgos de crecimiento medido en dos ambientes, agua de mar (mar) y agua dulce (a.dulce).

	WFE (mar)	PREP (a. dulce)	PADU (a. dulce)	SGRWFE (mar)	SGRREP (a. dulce)	SGRADU (a. dulce)
PWFE	0,22	0,99	0,90	-0,70	0,11	-0,46
PREP	1,00	0,01	0,56	-0,85	-0,84	0,34
PADU	0,94	1,00	0,41	0,35	0,31	0,60
SGRWFE	-0,37	-1,00	0,77	0,08	0,68	0,07
SGRREP	0,00	-0,55	0,73	0,73	0,39	-0,16
SGRADU	0,07	0,34	0,71	0,39	0,47	0,07

WFE= Peso Cosecha (MAR), PREP=Peso Reproductor (A. DULCE), PADU= Peso Adulto (A. DULCE) , SGRWFE=Tasa Crecimiento (MAR), SGRREP= Tasa Crecimiento Reproductor (A. DULCE) SGRADU= Tasa Crecimiento Adulto (A. DULCE)

Esta clara tendencia se observa gráficamente en las figuras 48 y 49, en una muestra de 20 familias cultivadas en agua dulce y en mar, en las cuales se grafican sus valores genéticos (BV) para peso (gr) alcanzados en agua dulce y en mar. Las tasas crecimiento por su parte (SGRMAR, SGREP y SGRADU) también tuvieron en general correlaciones genéticas y fenotípicas positivas entre sí, pero de menor magnitud que las de peso (desde 0,31 a 0,73), y en el caso de la tasa de crecimiento adulto (PADU), la correlación fenotípica fue muy baja ( $rg = 0,07$ ) e incluso negativa ( $rg = -0,66$ ) respecto de la tasa de crecimiento de los reproductores (SGRREP), ambos cultivados en agua dulce, y también con la tasa de crecimiento en el mar (SGRMAR) (Cuadro 11). Por su parte, la relaciones entre rasgos de peso vs tasas de crecimiento tuvieron magnitudes muy variadas desde correlaciones genéticas negativas de alta magnitud ( $rg = -1,0$ ) como la correlación obtenida entre SGRMAR con el peso del reproductor (PREP), hasta correlaciones genéticas media/altas ( $rg > 0,7$ ) por ejemplo entre peso adulto (PADU), con las tres tasas de crecimiento evaluadas (SGRMAR, SGRREP y SGRADU). Por ultimo destacar que la tasa crecimiento en el mar (SGRMAR) tuvo una correlación genética y fenotípica media/alta ( $rg > 0,68$ ) con la tasa de crecimiento de los reproductores criados en agua dulce (SGRREP) y también positiva pero de menor magnitud con la tasa de crecimiento del pez adulto (PADU).

## 10. DISCUSION

Este trabajo presenta la estimación de parámetros genéticos de heredabilidad y correlaciones genéticas en 17 rasgos relacionados al crecimiento, rendimiento y calidad en la cepa Lochy de Salmon del Atlántico. La cepa Lochy, tiene un origen silvestre, en el río Lochy, en la localidad de Inverness-Shire ubicada en la región Highland en la costa oeste de Escocia (Johnston et al., 2000). El stock mantenido actualmente en Chile, derivada de peces que fueron ingresados al país a comienzos de los años 90 (Lhorente, 2001). Johnston et al. (2000 a), describe que la principal característica de esta cepa es su rápido crecimiento y su elevada tasa de maduración temprana o “grilsing”. Esta asociación entre madurez y crecimiento acelerado ha sido reportada en salmones (Guerrero y Bromage, 2008) y no es una relación favorable para la industria, ya que la madurez temprana es un rasgo no deseado por los productores de salmón, porque se asocia a un deterioro temprano en la calidad del producto final (McClare et al., 2007). Sin embargo, se han desarrollado estrategias productivas que permite utilizar esta cepa de manera de aprovechar su rápido crecimiento pero evitando sembrar y cosechar en meses donde la madurez se vea favorecida.

Para la estimación de los parámetros genéticos como heredabilidad ( $h^2$ ) y correlaciones genéticas se estableció previamente la magnitud de algunos efectos fijos y covariables, sobre la expresión de la variable respuesta, ya que el no incluirlos puede afectar la estimación de los parámetros genéticos (Gallardo et al., 2010). En este estudio, los efectos fijos como jaula y sexo tuvieron incidencia significativa en la mayoría de los rasgos analizados (Cuadro 4), salvo en algunos casos como la textura (TXT), gaping (GAP) y color filete (COL). En este estudio los machos obtienen valores fenotípicos mayores que las hembras (Figura 15), situación que ha sido reportada ampliamente para salmones en diversos trabajos (Neira et al., 2004; Rye 1996, Guerrero et al., 2008; Acharya, 2011; Lillehammer et al., 2013). Por tanto, el no incluir este efecto fijo sexo, en la estimación de heredabilidad y correlaciones genéticas puede inducir a incrementar el error de la estimación, como lo demuestra el trabajo de Yousefian (2008) para una población de trucha arcoíris *Onchorhynchus mykiss* donde las estimaciones de heredabilidad para rasgos de crecimiento, cuantificada en distintas etapas de desarrollo, varia significativamente en función de la inclusión del efecto sexo.

En este estudio, el efecto jaula tuvo una incidencia en la expresión de todos los rasgos crecimiento, salvo GRD y rendimiento salvo RTRIMD, y tuvo influencia significativa en los cuatro rasgos de calidad analizados en este trabajo (TXT, GAPIING, COLOR y DESC) (Tabla 4). En ambas jaulas fueron sembradas las mismas familias, con igual número de hermanos por jaula, por lo que se puede inferir que las diferencias descritas anteriormente no son genéticas y responden absolutamente a variaciones ambientales. Previamente también se ha reportado que el efecto jaula influye significativamente sobre la tasa de crecimiento, y en algunos rasgos de rendimiento y calidad de los salmones ( Gjerde et al., 1994; Lohrente 2001; Neira et al., 2004; Lillehammer et al. 2013; Favnebøe et al. 2013).

La madurez sexual es otro rasgo muy importante de analizar ya que tiene incidencia sobre la expresión de los rasgos de crecimiento y calidad. En Salmón del Atlántico se ha descrito una correlación genética y fenotípica positiva de mediana magnitud entre

el crecimiento y la madurez sexual (Lillehammer et al 2013; Acharya 2011; Baranski et al 2010, Vieira et. al 2007, Quinton et. al 2005, Guerrero 2008) y una correlación negativa entre la madurez y el color del filete, producto de que los pigmentos almacenados en el musculo migran hacia la piel y las ovas (Powell et al., 2008, Johsnen et al 2011). En este estudio los peces fueron cosechados en primavera, una época donde la madurez sexual se encuentra en un estado inicial de desarrollo, lo anterior se evidencio en la baja calificación de maduros registrada en este trabajo, donde el 99,5% de los peces muestreados (N=3729), no presentaron rasgo alguno de madurez externa, por tanto esta covariable debió ser excluida del análisis. Lo anterior se evidencia además en los bajos IGS registrados durante el proceso,  $0,9 \pm 0,6\%$  para hembras y  $0,3 \pm 0,3\%$  para los machos (Figura 32 y 33). Este bajo nivel de maduración sexual es similar a los descritos por Leclercq 2010 quien describe para salmón del Atlántico como etapas tempranas de desarrollo sexual en machos un IGS de  $0,51 \pm 0,02\%$  y en hembras un IGS de  $1,37 \pm 0,11\%$ .

En este estudio se incluyeron las covariables cataratas (Figura 14) y peso smolt (Figura 11). Se incluyó el efecto de las cataratas debido a que durante el período de engorda en el mar los peces desarrollaron un intenso cuadro de cataratas que afecto al 87% de la población (N=3.912), probablemente como consecuencia de una deficiencia nutricional en la dieta utilizada durante parte de su cultivo. Existe evidencia previa que las cataratas se producen por un déficit de histidina en la dieta, particularmente si esta deficiencia ocurre durante los periodos de esmoltificación o durante periodos de alta tasa de crecimiento como en las estaciones de primavera-verano (Waagbø et al., 2010; Taylor et al., 2015). En otros estudios en cambio (Waagbø et al., 2010; Taylor et al., 2015), no se pudo determinar diferencias significativas en el peso de los peces alimentados con dietas en las cuales se varió la concentración de histidina. La presencia de cataratas registrada en los peces de este estudio afectó negativamente la tasa de crecimiento (SGR), y el peso de cosecha (WFE). Lo anterior también ha sido reportado para salmón del Atlántico, donde la presencia de cataratas se ha traducido en menores tasas de crecimiento (Menziés et al., 2002). Respecto del peso smolt, se pudo determinar la influencia de este rasgo sobre el peso WFE (Figura 11), a razón de 17 gr de peso por gramos de smolt, lo anterior es comparable a los resultados de Handeland et al. (2008) quienes pudieron determinar la influencia positiva del peso smolt sobre la tasa de crecimiento de los peces a distintas temperaturas, donde independiente del régimen térmico, los smolt con mayor peso fueron los que más crecieron en el mismo periodo de tiempo.

### **Heredabilidades y Correlaciones Genéticas**

El peso de cosecha (WFE) tuvo una heredabilidad de 0,32, muy similar a lo estimado para la cepa Lochy por Lhorente en el 2001, quien estableció una  $h^2$  de 0,30. En otros estudios se han establecido valores similares de heredabilidad para este rasgo, con rangos que van entre 0,15 a 0,52 (Quinton et al., 2005; Lillehammer et al., 2013; Tsai et al., 2015). La longitud del pez (LC), es una medida muy asociada al peso, para la cual también se estableció una  $h^2$  media alta de 0,43, valor que se encuentra en el rango superior de las estimaciones conocidas para este rasgo en salmón del Atlántico, en los que se han establecido rangos muy variados con  $h^2$  entre 0,08 y 0,42 (García et al., 2007). En el estudio de Lhorente 2001, establece un valor de heredabilidad para la misma cepa Lochy de 0,27, y entre 0,25 y 0,34 para otras dos cepas de la misma especie. Estos niveles de heredabilidad no son muy diferentes a los reportados para poblaciones silvestres donde se han estimados valores de 0,32 (Saura et al., 2010). En

otras especies de salmones como *Salmo trutta caspius* se estableció una  $h^2$  de 0,49 para longitud (Yousefian 2012), y entre 0,17 a 0,20 para *Oncorhynchus kisutch* (Neira et al., 2004). Los demás rasgos de crecimiento como SGR, K y GRD, tuvieron heredabilidades medias y muy similares entre sí ( $h^2 = 0,31$  SGR;  $h^2 = 0,29$  K y  $h^2 = 0,32$  GR/D), y en concordancia con la heredabilidad del peso WFE y LONG, situación esperada, ya que estos estimadores son calculados en función del peso y la longitud de los peces. Respecto del índice de condición en salares se han estimado valores de 0,20 a 0,21 (Lhorente 2001), similares a los reportados por Garcia et al. (2007). En el caso del SGR este mismo autor indica que para el raso se han reportado valores de  $h^2$  entre los 0,04 a los 0,26.

Todos los rasgos asociados al crecimiento mostraron altas correlaciones genéticas y fenotípicas entre sí. Baranski et al. (2010) estimó una alta correlación fenotípica entre la longitud y peso a la cosecha (WFE) al igual que lo determinado por Powell 2008 y moderada ( $h^2 < 0,6$ ) para estos rasgos y el índice de condición (K), parecidas a lo estimado por Gjedren en 1997 para *Sparus aurata* donde se han establecido correlaciones genéticas positivas entre peso, y factor de condición ( $0,47 \pm 0,21$ ). Lo anterior equivale a establecer que la selección de los peces en función al peso puede conducir a un aumento en todos los demás rasgos asociados al crecimiento, inclusive en algunos rasgos de rendimiento, cuantificados en función de su peso como lo son el peso HON y HG, los cuales mostraron heredabilidades medias altas, y cercanas a 0,40 (Cuadro 8). En el peso eviscerado (HON y HG), para las variedades Nanssem, Lochy y Mowi, Lhorente 2001 estimó valores muy parecidos a los encontrados en este trabajo. Tsai et al. (2015) también determina valores altos de heredabilidad para este rasgo de rendimiento de la canal. Como era de esperar ambos rasgos presentan alta correlación genética y fenotípica entre sí, y entre estos y el peso a la cosecha, con un valor de correlación positiva de 1,0. Valores de esta magnitud han sido también reportados para salmón del Atlántico por Powell et al. (2008) y anteriormente Lhorente 2001. Tsai et al. (2015), estima también una correlación fenotípica alta, cercana a 1,0 entre el peso y rendimiento de canal, pero esta disminuye a 0,6 respecto de su correlación genética. Finalmente algunos autores muestran una correlación genética entre el peso del cuerpo y el engrasamiento de la carne y predice que la selección por peso o peso de la cosecha podría inducir a una selección de peces con mayor contenido de grasa, una característica indeseable en la producción de salmones (Quinton et al., 2005, Cheryl et al., 2005).

Para peso filete (TRIMD) la estimación de heredabilidad fue más baja ( $h^2=0,15$ ) concordante con los 0,12 estimados por Powell et al. (2008) para peso filete de salmón del Atlántico. Tsai et al. (2015) en cambio, estimó  $h^2$  de 0,53 para el mismo rasgo. Diferencias de esta magnitud podrían ser explicadas por dos razones principales 1.- El tipo de efectos fijos y variables que se incluyen en los modelos (Gallardo et al 2010), y 2.- El tipo de filete sobre el cual se hace la estimación, ya que existe una amplia gama de presentaciones comerciales del filete, que van desde presentaciones simples, con un mínimo nivel de recortes (TRIM A), pasando por un filete comercial intermedio, con variados niveles de recortes y presentaciones, con piel, sin belly etc (TRIM D), hasta la variedad más elaborada, un filete sin piel y sin musculo negro (SKIN OFF), tipos de presentaciones que sin duda pueden influir en la estimación del rasgo, dificultando además su comparación cuando “Filete” se indica genéricamente, por tal motivo resulta fundamental que estudios de esta naturaleza especifiquen y describan claramente el tipo de filete analizado, para que el rasgo pueda ser comparado

adecuadamente. En este estudio correspondió a un filete del tipo “trim d máximo rendimiento” (TRIMD). La asociación de este rasgo con rasgos de crecimiento y rendimiento (HG, HON) muestran correlaciones genéticas y fenotípicas altas en torno a 1,0, similar a lo reportado por Tsai et al. (2015) y Powell (2008).

Respecto de los mismos rasgos de rendimiento, pero expresados en términos de porcentaje (HON vs RHON; HG vs RHG y TRIMD vs RTRIMD), los valores de heredabilidad bajan significativamente ( $P < 0,001$ ). Como se aprecia en el Cuadro 8 la heredabilidad para el rasgo peso HON expresada como RHON baja desde 0,4 a 0,06. En el caso del peso HG y peso filete (TRIMD) sucede la misma situación, las heredabilidades bajan de 0,40 a 0,09 (RHG) y de 0,15 a 0,02 (RTRIMD) respectivamente. Esta misma situación ha sido establecida para otros rasgos de rendimiento en salmones como peso cabeza, peso filete y peso víscera (Powell et al., 2008), en los cuales el peso cabeza tuvo un  $h^2$  de 0,12 vs su rendimiento porcentual el cual fue más bajo ( $h^2$  de 0,01), para peso filete la misma situación bajo de 0,12 a 0,03 cuando se expresó el rasgo como porcentaje, al igual que el peso vísceras donde la disminución fue mayor bajo de 0,30 a 0,02 Cuadro 8). En la misma línea Lhorente en el 2001 estimó heredabilidades medias y altas (0,25 a 0,40) para peso canal o peso pez eviscerado en tres cepas comerciales de salmón del Atlántico, sin embargo, al estimarla en función de su porcentaje de rendimiento estas disminuyeron a valores de entre 0,06 a 0,13. Mismo patrón se repite en lo estimado por Tsai et al. (2015) para peso filete en salmón del Atlántico con  $h^2 = 0,53$  pero solo 0,05 cuando lo estimó como porcentaje de rendimiento filete, para el peso vísceras la misma situación  $h^2 = 0,53$  y para porcentaje rendimiento vísceras bajó a  $h^2 = 0,04$ . Lo mismo ocurre en otras especies como en *Sparus aurata* donde se estimaron valores medios de heredabilidad para rasgos rendimiento de carcaza, de 0,17 a 0,24, pero estos bajaron al ser medidos como rendimiento de filete expresado en términos de porcentuales (García et al., 2015). Este patrón puede estar asociada al hecho de que la transformación porcentual de los resultados es muy útil cuando se requiere hacer una comparación entre rasgos, pero sin duda para estimaciones de heredabilidades no son adecuados, ya que no logran capturar la variación del rasgo entre los individuos dentro de la población, por tanto subestima el componente genético del rasgo en sí mismo.

Las correlaciones fenotípicas y genéticas entre rasgos de rendimiento fueron positivas, sobre todo las correlaciones genéticas, especialmente entre el rendimiento RHG y el RHON ( $r_g > 0,80$ ) (Cuadro 8). Respecto de la relación entre medidas de rendimiento con registros de peso, la tendencia de las correlaciones también es positiva, y de acuerdo con otros estudios que sugieren que una mayor masa corporal contribuye a un mayor rendimiento de filete, asociada a una menor proporción de la cabeza, huesos y aletas (Mørkøre et al., 2001). Acharya 2011 determina una correlación genética positiva entre el rendimiento filete y el peso a la cosecha ( $r_g = 0,22$ ). Tsai et al. (2015) en cambio determina una correlación genética baja entre estos mismos rasgos de 0,02 y de 0,35 para la fenotípica. En este estudio se estableció una correlación genética negativa, de magnitud mediana entre el peso WFE y el rendimiento del pez eviscerado con cabeza (RHON), y negativa también pero de magnitud baja respecto del RHG (Cuadro 8). Lo anterior es similar a lo reportado por Lhorente 2001 donde también establece correlaciones genéticas negativas entre rendimiento de canal y peso a la cosecha, asociando lo anterior a que el peso de cosecha tiene una relación directa y de igual magnitud al peso de vísceras ( $r_g > 0,91$ ), por tanto los genes que actúan sobre el peso tienen influencia también sobre el peso de las vísceras, lo que produciría una disminución en el rendimiento de la canal. Respecto del rendimiento filete (RTRIMD)



vs WFE, se establece una correlación genética alta de 0,79 y fenotípica de menor magnitud pero positiva. Powell et al. (2008) establece una correlación genética media entre el peso a la cosecha producción de filete (0,61), misma relación pero menos intensa establece Acharya (2011) y Vieira et al. (2007).

En este estudio, se registró un incipiente desarrollo gonadal, con un IGS promedio para la población de  $1,0\% \pm 0,6$ , (IGS Hembra  $0,93\% \pm 0,64$  IGS Machos  $0,28\% \pm 0,2$ ). Este bajo desarrollo gonadal se relaciona positivamente con un bajo nivel de madurez sexual en los salmones (Leclercq, 2010), en contrastante a lo esperado para esta cepa, donde se han descrito altos índices de madurez durante el primer año de vida en el mar (Johnston et al., 2000 a). La edad de madurez sexual durante el primer invierno en el mar (grilse) según lo reporta el trabajo de Garcia et al. (2007) tiene una heredabilidad alta de  $h^2=0,65$ , la cual disminuye a  $h^2=0,13$  para peces que maduran al segundo invierno. Lillehamme 2013 estimó heredabilidades medias para la madurez sexual de 0,33 utilizando como criterio binario la presencia o ausencia de rasgos externos de madurez, similar a la metodología usada en este estudio. A pesar de los bajos niveles de peso de gónada y de IGS registrados, se pudo establecer una  $h^2=0,22$  para PGON, la cual disminuyó prácticamente a la mitad cuando se estimó en función del índice gonadosomático (IGS), siguiendo la tendencia de lo descrito anteriormente respecto de las estimaciones porcentuales de los rasgos. Se establece además una correlación fenotípica positiva de mediana magnitud respecto de medidas como HG, HON y por ende del peso a cosecha WFE, y una correlación genética por sobre 0,6 (Cuadro 8). Sin duda podemos establecer que los peces que tienen mayor crecimiento generan un mayor desarrollo gonadal y por ende mayores niveles potenciales de madures. Es sabido que reducción de la madurez sexual en los peces mejora la eficiencia del proceso productivo y la calidad de los productos (Gjedrem y Baranski 2009 ;Gjedrem y Mateo 2009). Sin embargo, como lo advierte Acharya 2011, resultados recientes muestran que los machos y las hembras que maduran más rápido crecen en torno a 1,2 veces más que aquellos del mismo sexo que no maduran; y a su vez los machos tienen mayor potencial de crecimiento que las hembras. Por tanto, cepas maduradoras no pueden ser consideradas como un riesgo para el modelo productivo de las empresas, ya que ambas situaciones descritas, asociadas al mayor crecimiento de los peces maduradores, si son bien manejadas, pueden contribuir positivamente y deben ser incluidos en los modelos de producción de las empresas.

Respecto de rasgos asociados a la calidad uno de los principales y que le da un atributo particular al salmón, es el color de la carne. En este estudio se estimó para este rasgo una heredabilidad de 0,21 (Cuadro 9), similares a los obtenidos por Lhorente 2001 para la misma especie. Y muy parecidas a las estimadas por el mismo autor para otras cepas de salares como Mowi y Nansem ( $h^2$  entre 0,19 a 0,23). En la misma línea se han estimado heredabilidades para color en salares de 0,29 (Peñaloza et al 2013), y 0,32 (Powell et. al 2008). Entre rasgos de calidad como gaping, textura y descamación se establecen bajas correlaciones fenotípicas y genéticas para color, lo que indica la independencia de este rasgo respecto de estos caracteres. Similar a lo encontrado por Lhorente 2001 para color con textura en tres cepas de salmón del Atlántico incluida la Lochy. Respecto de la correlación negativa entre el color y algunos rasgos de peso y rendimiento (WFE, HON y HG TRIMD) estimadas en este estudios estos son similar a lo encontrado por Lhorente para tres cepas de salmón del atlántico en condiciones productivas de Chile, al igual que lo establecido por Vieira et al. (2007) para pez eviscerado y color. Sin embargo, estos resultados son distintos a los obtenidos por Powell et al. (2008), Acharya (2011) y Baranski et al. (2010) quienes establecen una

correlación genética entre color y peso a cosecha ( $r_g=0,51$ ) y entre el color y la producción de filete ( $r_g=0,61$ ) En este sentido resulta interesante considerar el efecto que eventualmente pudo provocar la intensa presencia de cataratas en la población (Figura 42) y su influencia sobre la expresión del color, considerando que la presencia de cataratas provocó un menor crecimiento en los peces afectados (Menzies et al., 2002), provocado por deficiencias nutricionales y que podría haberse traducido también en una deficiente pigmentación en los peces, en este estudio el efecto catarata tuvo un efecto significativo ( $p<0,01$ ) sobre la expresión del color, situación que podría haber subestimado el efecto aditivo del rasgo. (Cuadro 4). En la figura 39 y 40 se muestran una serie de relaciones entre el color y variables cuantitativas pudiendo establecerse que los únicos rasgos donde no se encontraron diferencias fue entre el color y la descamación y el color y el sexo ( $p>0,05$ ), lo último influenciado sin duda por el incipiente desarrollo sexual mostrado por los peces en el periodo.

La textura es otro rasgo importante de la carne del salmón, y es muy apreciada tanto por los consumidores como por las empresas, ya que una buena textura favorece la manipulación y transformación del producto. La textura de la carne es una característica estructural del músculo, que se asocia al desarrollo de fibras musculares y a los procesos de hiperplasia e hipertrofia (Johnston et al., 2000). Sin embargo la metodología utilizada en su cuantificación es un elemento que debe ser asunto de discusión, ya que la “resistencia al rompimiento”, utilizado como método para cuantificar textura en diversos trabajos (Johnston, 2001; Neira et al 2004; Lhorente, 2001), quizás no representa fielmente la naturaleza de esta característica. Si bien el registro captura una buena variación y distribución de la medida (Figura 37), no necesariamente esta medida representa a la textura como tal. Existe alguna evidencia de que las características estructurales del músculo están bajo control genético, ya que se han encontrado diferencias entre las familias, poblaciones y especies (Johnston, 2001). Sin embargo, en este trabajo y en otros no se consigue demostrar evidencia del control genético para la textura (Acharya 2011). La heredabilidad estimada para este rasgo fue baja (0,03), similar a lo reportado por Lhorente (2001) en tres variedades de salmón del Atlántico. Estimaciones preliminares de heredabilidad en textura sólo han sido realizadas en salmón coho para peces de 21 meses de edad, donde se utilizó una metodología de evaluación de textura muy similar a la utilizada en el presente estudio y cuyas estimación de heredabilidad fue igualmente bajas ( $h^2=0,06$ ) (Neira et al., 2004). Otra asociación de interés respecto de la textura fue determinar la relación que existe entre la “resistencia del músculo al rompimiento” con el gaping, pudiendo establecer que los componentes genéticos de ambos rasgos son bajos (0,03), pero con una correlación fenotípica negativa de magnitud media (-0,23), lo que implica que filetes con niveles mayores de textura son menos susceptibles a desarrollar gaping. El valor de gaping estimado es concordante a lo encontrado en el estudio de Lhorente 2001 donde además de ser bajas, no existieron mayores diferencias entre las diversas líneas estudiadas. La baja magnitud de la heredabilidad indica que la expresión fenotípica de estos rasgos es mayormente de naturaleza ambiental más que de genética aditiva. La baja variación genética aditiva de los caracteres gaping y textura es bastante esperable dado que diversos estudios indican que la expresión del fenómeno se debe principalmente a efectos ambientales tales como las condiciones de manejo de cosecha como, estrés, ayuno y cadena de frío entre otros (Skjervold et al., 1999 ; Robb et al., 2000). Lo anterior es concordante a lo estimado en este estudio, donde las únicas variables que fueron significativas y afectaron al gaping fue la jaula y la fecha de muestreo en la planta ( $P<0,001$ ), lo que da cuenta del alto componente ambiental sobre la expresión del rasgo (Figura 41).

Por último el rasgo descamación también arroja valores heredables interesantes de ser considerados ( $h^2=0,12$ ), y representan un aporte inicial en trabajos de esta naturaleza, ya que no se encontraron otros estudios genéticos asociados a la descamación, por lo que los señalados anteriormente constituyen los primeros que se publican en salmónidos. La descamación presenta una correlación genética negativa de baja magnitud respecto de rasgos de crecimiento y fenotípica de magnitud también baja pero positiva. En la figura 36 se observa que peces de menor peso tienden a tener mayor descamación que los peces de mayor tamaño, y con mayor intensidad en peces muy pequeños probablemente asociado a deficiencia nutricional extremas (Halver y Hardy 2002).

### **Correlación Crecimiento Agua Dulce vs Agua Mar (genotipo/ambiente GxE)**

Las correlaciones para peso (gr) y tasa de crecimiento establecidas entre familias cultivadas en agua dulce vs las mismas familias cultivadas en mar fueron altas y positivas. Para el rasgo peso se obtuvieron correlaciones genéticas cercanas a 1,0 entre los peces cultivados en mar (PMAR), respecto de los peces cultivados en agua dulce PADU y PREP, medidos estos últimos como peso vivo a los 12 y 19 meses aproximadamente posterior al marcaje individual con pit-tag. Los altos valores correlacionados para este rasgo mostrados en tabla 11, cuantificados en dos sistemas de cultivo distintos como estanques y raceways agua dulce, y balsas jaulas en mar demuestran que la expresión del genotipo es la misma en ambos ambientes (Falconer y Mackay 1996), pudiendo establecer que no existen interacción genotipo ambiente para el rasgo peso, por tanto se espera que la mejora genética evaluada en un ambiente sea eficaz en otros ambiente. Navarro et al. (2009a y 2009b) estimaron la inexistencia de interacción genotipo/ambiente en caracteres de crecimiento de dorada a través de correlaciones genéticas de los mismos caracteres medidos en dos ambientes (jaulas insulares y estanques en tierra). También, Ponzoni et al. (2005), en tilapia del Nilo, obtuvieron similar respuesta para el peso tanto en jaulas como en tanques y Dupont-Nivet et al. (2008) no encontraron interacción GxE en Lubina entre los pesos de los peces criados en tres centros de cultivo pero con similares sistema de engorda. Fishback et al. 2002 En trucha arcoíris *Oncorhynchus mykiss*, se han determinado correlaciones genéticas altas ( $0,86 \pm 0,026$ ), entre el crecimiento de la progenie temprana como buen predictor del crecimiento de la progenie más tardía y que la magnitud de la interacción genotipo por ambiente ( $G \times E$ ) es baja respecto del crecimiento de estas progenies sometidas a dos regímenes térmicos (Fishback et al., 2002) en cambio, en otros estudios se estableció una fuerte interacción genotipo ambiente para peso corporal, para *Oncorhynchus mykiss* entre peces cultivados en agua dulce y peces cultivados en dos centro de mar (Mar Báltico) (Sae-Lim et al., 2014). La tasa de crecimiento también tuvo una correlación genética positiva (SGRMAR, SGRADU, SGRREP), pero de menor magnitud con rangos entre 0,39 a 0,73 (Tabla 11). Sae-Lim et al. (2015), recopiló información de 38 especies de peces de cultivo, mostrando que para el rasgo crecimiento la correlación genética ponderada va de moderada a alta. Entre la tasa de crecimiento y los rasgos de peso se encontraron correlaciones variadas desde valores negativos altos (-0,66) a valores positivos de (0,77), lo anterior se debe a que el la tasa de crecimiento se encuentra influenciada tanto por los días de cultivo como por el peso, sin embargo el corregir por días de cultivo, no necesariamente atrapa la variación de este efecto ya que los tiempo del registro “días” fue muy variado entre los peces y entre los peces de una misma familia, lo que sin duda provoca distorsiones en la relación peso vs tasa de crecimiento.

## 11. CONCLUSIONES

Se establece heredabilidades medias y altas en rasgos de crecimiento y rendimiento y que estos rasgos están correlacionados positivamente por tanto se espera que la selección en rasgos de crecimiento genere efectos favorables sobre los rasgos de rendimiento.

Los rasgos de calidad tienen menor varianza genética aditiva que los rasgos de crecimiento y rendimiento, solo color presentó heredabilidades medias, por lo que se concluye que es posible incorporar este rasgo como criterio de selección, sin embargo en esta población y bajo el esquema de engorda y alimentación utilizado no se correlacionó genéticamente con rasgos de crecimiento como peso a la cosecha, ni de rendimiento como peso canal y rendimiento filete.

Dado que los rasgos de crecimiento evaluados en dos ambientes distintos de agua dulce y agua mar están altamente correlacionados ( $r_g > 0,9$ ), se concluye que la selección en agua dulce permitiría mejorar el crecimiento en agua de mar.

Se establece que los efectos fijos Jaula de cultivo y Sexo tuvieron incidencia en la expresión de la mayoría de los rasgos de crecimiento, rendimiento y calidad analizados en este estudio. Las covariables Peso Smolt y Cataratas tuvieron influencia sobre todos los rasgos de crecimiento, como peso a la cosecha, tasa de crecimiento y longitud y en el caso específico de las Cataratas tuvo influencia sobre la expresión del color en la carne. Por tanto estos efectos deben ser considerados en la estimación de parámetros parámetros genéticos del salmón del atlántico.

## LITERATURA CITADA

- Acharya. 2011. Fillet quality and yield of farmed Atlantic salmon (*Salmo salar*): variation between families, gender differences and the importance of maturation. Master Thesis. Norwegian University of Live Sciences, Norway. 2011.
  - AVSChile. 2013. Revisión Científica sobre la evaluación de la calidad del esmolt. Reporte 2013.
  - Baranski et al. 2010. Mapping of quantitative trait loci for flesh colour and growth traits in Atlantic salmon (*Salmo salar*). Genet Sel Evol 2010, 42:17.
  - Bjerkaa Wall T, E. 1999. A simplified method of scoring cataracts in fish. Bull Eur Assoc Fish Pathol 19: 162–165.
  - Bjørnevik Marit, Marit Espe, Chris Beattie, Ragnar Nortvedt and Anders Kiessling. 2005. Temporal variation in muscle fibre area, gaping, texture, colour and collagen in triploid and diploid Atlantic salmon (*Salmo salar* L.). Journal of the Science of Food and Agriculture 84: 530–540.
  - Cassell Bennet. 2009. Using Heritability for Genetic Improvement. Extension Dairy Scientist Genetics and Management Virginia Tech. Publication # 404-084 Virginia State University.
  - Quinton, C.D., McMillan, I., and Glebe, B.D. 2005. Development of an Atlantic salmon (*Salmo salar*) genetic improvement program: Genetic parameters of harvest body weight and carcass quality traits estimated with animal models. Aquaculture. 247: 211-217.
  - Duncan N, Sonesson A, Chavanne H. 2013. Principles of finfish broodstock management in aquaculture: control of reproduction and genetic improvement. Published in: Advance in Aquaculture Hatchery Technology. Woodhead Publishing Limited. pag. 23-75.
  - Dupont-Nivet, M., Vandeputte, M., Vergnet, A., Merdy, O., Haffray, P., Chavanne, H., Chatain, B.. 2008. Heritabilities and GxE interactions for growth in the European sea bass (*Dicentrarchus labrax* L.) using a marker based pedigree. Aquaculture 275: 81-87.
- Ersdal Cecilie, Paul J. Midtlyng, Jorun Jarp. 2001. An epidemiological study of cataracts in seawater farmed Atlantic salmon *Salmo salar*. Dis Aquat Organ. 45: 229-36.

- Falconer, D.S and Mackay, T.F.C. 1996. Introduction to quantitative genetics. London and New York, Longman Group Limited. Fourth Edition. 464 p. 1996.
- Fishback AG, Danzmann RG, Ferguson MM, Gibson JP. 2002. Estimates of genetic parameters and genotype by environment interactions for growth traits of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) as inferred using molecular pedigrees. *Aquaculture* 206: 137–150.
- Gallardo Jose, Jean P Lhorente and Roberto Neira R. 2010. The consequences of including non-additive effects on the genetic evaluation of harvest body weight in Coho salmon (*Oncorhynchus kisutch*) *Genetics Selection Evolution* 42:19.
  - Garcia de Leaniz C, I. A. Fleming, S. Einum, E. Verspoor, W. C. Jordan, S. Onsuegra, N. Aubin-Horth, D. Lajus, B. H. Letcher, A. F. Youngson, J. H. Webb, L. A. Ilestad, B. Villanueva, A. Ferguson and T. P. Quinn. 2007. A critical review of adaptive genetic variation in Atlantic salmon: implications for conservation. *Biol. Rev.* 82: 173–211.
  - García-Celdrán M.a, G. Ramis b, M. Manchado c, A. Estévez d, J.M. Afonso e, E. Armero. 2015. Estimates of heritabilities and genetic correlations of carcass quality traits in a reared gilthead sea bream (*Sparus aurata* L.) population sourced from three broodstocks along the Spanish coasts. *Aquaculture* 446: 175–180.
  - Gilmour, A.R., Cullis, B.R., Welham, S.J., Thompson, R. 1999. ASREML, Reference Manual. 213 pp.
  - Elvingson, P., Johansson, K.. 1993. Genetic and environmental components of variation in body traits of rainbow trout (*Onchorhynchus mykiss*) in relation to age. *Aquaculture* 118: 191– 204.
  - Gjedrem. T. Gjocn, H.M. and Gjerd. B. 1998. Origin of Norwegian farmed Atlantic salmon. Genetic origin of Norwegian farmed Atlantic salmon. *Aquaculture*: 41 - 50.
  - Gjerdrem, T. 2000. Genetic improvement of cold-water fish species. *Aquaculture Research* 31: 25-33.
  - Gjerdrem, Trygve. 2009. The first family-based breeding program in aquaculture. *Reviews in Aquaculture* 2: 2–15.

- Gjedrem, T. & Baranski, M. 2009. Selective breeding in aquaculture: In introduction. *Reviews: Methods and Technologies in Fish Biology and Fisheries*, vol. 10. USA: Springer. pp 221.
- Gjedrem, T. 2010. The first family-based breeding program in aquaculture. *Reviews in Aquaculture* 2: 2-15.
- Guerrero-Tortolero Danitzia A., Niall Bromage. 2008. Growth and maturation of Atlantic salmon (*Salmo salar*) populations with different grilse proportions under natural photoperiod and superimposed nighttime light. *Aquaculture* 285: 63–66.
- Halver J, Hardy R. 2002. *Fish Nutrition*. Academic Press. 500 pages.
- Handelanda SO, E. Wilkinsonb, B. Sveinsbøa, S.D. McCormickc, S.O. Stefanssona. 2004. Temperature influence on the development and loss of seawater tolerance in two fast-growing strains of Atlantic salmon. *Aquaculture* 233: 513–529.
- Handeland Sigurd O., Albert K. Imsland, Sigurd O. Stefansson. 2008. The effect of temperature and fish size on growth, feed intake, food conversion efficiency and stomach evacuation rate of Atlantic salmon post-smolts. *Aquaculture* 283: 36–42.
- Hershberger, W.K; Myers, J.M; Iwamoto, R.N; Mclauley, W.C and Saxton N, A.M, 1990. Genetic changes in the growth of coho salmon (*Oncorhynchus kisutch*) en Marine Net-Pens, produced by ten years of selection. *Aquaculture* 85: 187-197.
- Johnston Ian, Richard Alderson, Claire Sandham, David Mitchell, Craig Selkirk, Alistair Dingwall, David Nickell, Remi Baker, Billy Robertson, David Whyte, John Springate. 2000. Patterns of muscle growth in early and late maturing populations of Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) *Aquaculture* 189: 307–333.
- Johnston Ian, Richard Alderson, Claire Sandham, Alistair Dingwall, David Mitchell, Craig Selkirk, David Nickell, Remi Baker, Billy Robertson, David Whyte, John Springate. 2000. Muscle fibre density in relation to the colour and texture of smoked Atlantic salmon (*Salmo salar* L.). *Aquaculture* 189: 335–349.
- Johnston, I.A. 2001. Genetic and environmental determinants of muscle growth patterns. *Fish Physiology*, vol. 18. Academic Press, London, pp. 141– 186.

- Johnston Ian, Ralph Bickerdike, Xuejun Li, Alistair Dingwall, David Nickell, Richard Alderson, Patrick Campbell. 2007. Fast growth was not associated with an increased incidence of softflesh and gaping in two strains of Atlantic salmon (*Salmo salar*) grown under different environmental conditions. *Aquaculture* 265: 148–155.
- Johnsen A.Hagen O. Adler M, Jönsson E, Peter Kling, Ralph Bickerdike, Christel Solberg, Björn Thrandur Björnsson, Eldar Åsgard Bendiksen. 2011. Effects of feed, feeding regime and growth rate on flesh quality, connective tissue and plasma hormones in farmed Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) *Aquaculture* 318: 343–354.
- Larsen Martin, Aske N Thorn, Christian Skov and Kim Aarestrup. 2013. Effects of passive integrated transponder tags on survival and growth of juvenile Atlantic salmon (*Salmo salar*). *Animal Biotelemetry* 1:19.
- Lee-Montero, A. Navarro, D. Negrín-Báez, M. J. Zamorano, C. Berbel, J. A. Sánchez, M. García-Celdran, M. Manchado, A. Estévez, E. Armero and J. M. Afonso. 2015. Genetic parameters and genotype–environment interactions for skeleton deformities and growth traits at different ages on gilthead seabream (*Sparus aurata* L.) in four Spanish regions. *Anim Genet.* 46(2): 164-74.
- Leclercq E, J.F. Taylor a, D. Hunter b, H. Migaud. 2010. Body size dimorphism of sea-reared Atlantic salmon (*Salmo salar* L.): Implications for the management of sexual maturation and harvest quality. *Aquaculture* 301: 47–56.
- Leon, K et al. 2006. Color measurement in L\*a\*b\* units from RGB digital images. *Food Research International* 39: 1084–1091.
- Ling Hoo Khaw, Raul W. Ponzoni, Hoong Yip Yee, Mohd Aznan bin Aziz, Piter Bijma. 2015. Genetic and non-genetic indirect effects for harvest weight in the GIFT strain of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) *Aquaculture* 450: 154–161.
- Lhorente Caussade; Jean Paul. 2001. Análisis Genético en Características de Canal de tres líneas de salmon del atlántico (*Samo salar*). Cultivada en la Xa región”. Tesis para postular al grado de Magister. U. Chile.
- Lhorente Jean Paul, José A. Gallardo, Beatriz Villanueva, Angélica M. Araya, Débora A. Torrealba, Ximena E. Toledo, Roberto Neira. 2012. Quantitative genetic basis for resistance to *Caligus rogercresseyi* sea lice in a breeding population of Atlantic salmon (*Salmo salar*). *Aquaculture* 324-325: 55–59.

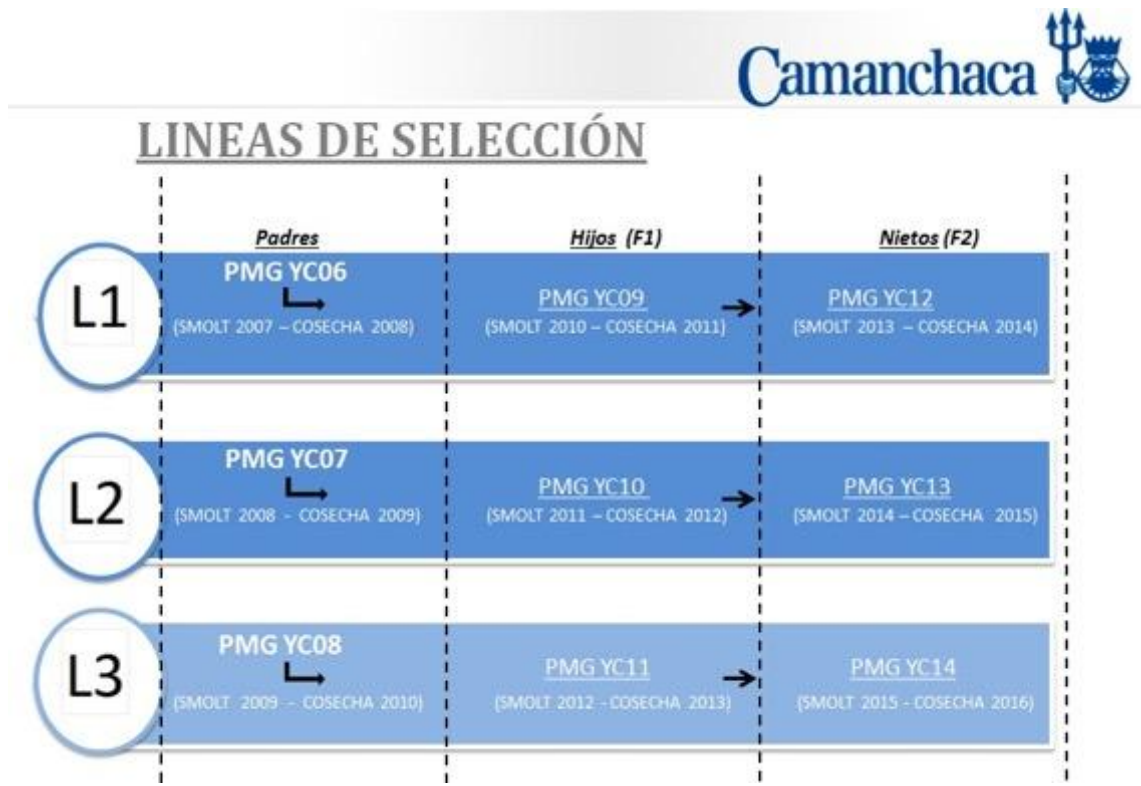


- Lillehammer et al. 2013. Survival, growth and sexual maturation in Atlantic salmon exposed to infectious pancreatic necrosis: a multi-variate mixture model approach. *Genetics Selection Evolution* 45:8.
- L'ohmus, M L.Rydhmer, L.F.Sundstromc et al. 2012. Genetically modified farm animal sandfish in agriculture: A review. Department Animal Breeding and Genetics, Swedish University of Agricultural Sciences, Uppsala, Sweden.
- McClure Carol A, K. Larry Hammell, Mark Moore. 2007. Risk factors for early sexual maturation in Atlantic salmon in seawater farms in New Brunswick and Nova Scotia, Canada. *Aquaculture* 272: 370–379.
- Mendoza, F et al. 2006. Calibrated color measurements of agricultural foods using image analysis. *Postharvest Biology and Technology* 41: 285–295.
- Menzies, F.D., Crockford, T., Breck, O., Midtlyng, P.J. 2002. Estimation of direct costs associated with cataracts in farmed Atlantic salmon (*Salmo salar*). *Bull. Eur. Assoc. Fish Pathol.* 22: 27-32.
- Misimi, E et al. 2007. Computer Vision-Based Sorting of Atlantic Salmon (*Salmo salar*) Fillets According to Their Color Level. *Journal of Food Science* 72: s30–s35.
- Mørkøre, T. & Rørvik, K.-A. 2001. Seasonal variations in growth, feed utilisation and product quality of farmed Atlantic salmon (*Salmo salar*) transferred to seawater as 0+smolts or 1+smolts. *Aquaculture* 199: 145-157.
- Mørkøre, T., Vallet, J. L., Cardinal, M., Gomez-Guillen, M. C., Montero, P., Torrissen, O. J., Nortvedt, R., Sigurgisladottir, S. & Thomassen, M. S. 2001. Fat content and fillet Shape of Atlantic Salmon: relevance for processing yield and quality of raw and smoked products. *Journal of Food Science* 66: 1348-1354.
- Navarro A., Zamorano M.J., Hildebrandt S., Ginés R., Aguilera C. & Afonso J.M. 2009a. Estimates of heritabilities and genetic correlations for body composition traits and G×E interactions, in gilthead seabream (*Sparus auratus* L.). *Aquaculture* 295: 183-187.
- Navarro A. Zamorano M.J., Hildebrandt S., Ginés R., Aguilera C. & Afonso J.M. 2009b. Estimates of heritabilities and genetic correlations for growth and carcass traits in gilthead seabream (*Sparus auratus* L.), under industrial conditions. *Aquaculture* 289: 225-230.

- Neira R Lhorente JP, Cristian Araneda, Nelson Di'aza, Eduardo Bustosb, Alejandro Alert. 2004. Studies on carcass quality traits in two populations of Coho salmon (*Oncorhynchus kisutch*): phenotypic and genetic parameters. *Aquaculture* 241: 117–131.
- Neira, R; Martinez, V and Gall, G.A.E. 1997. Realized selection intensities and genetic change for harvest weight in coho salmon (*Oncorhynchus kisutch*). 6<sup>th</sup> International Symp. In Genetics in Aquaculture. Stirling, UK, June 23-28.
- Norris A.T, D.G. Bradley, E.P. Cunningham. 1999. Microsatellite genetic variation between and within farmed and wild Atlantic salmon *Salmo salar* populations. *Aquaculture* 180: 247–264.
- Oppedal F, Tone Vågseth, Tim Dempster, Jon-Erik Juell, David Johansson. 2011. Fluctuating sea-cage environments modify the effects of stocking densities on production and welfare parameters of Atlantic salmon (*Salmo salar* L.). *Aquaculture* 315: 361–368.
- Pennell, W, and Borton, B. 1996. Principles of salmonid culture. Ed. Elsevier. *Developments in Aquaculture and fisheries science* 29: 1039 p.
- Peñaloza et al. 2013. A SNP in the 5' flanking region of the myostatin-1b gene is associated with harvest traits in Atlantic salmon (*Salmo salar*). *BMC Genetics* 14: 112.
- Ponzoni, R.W., Hamzah, A., Tan, S., Kamaruzzaman, N.,. 2005. Genetic parameters and response to selection for live weight in the GIFT strain of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). *Aquaculture* 247: 203–210.
- Powell et al. 2008 Genetic parameters of production traits in Atlantic salmon (*Salmo salar*). *Aquaculture* 274: 225-231
- Quinton et al. 2005. Development of an Atlantic salmon (*Salmo salar*) genetic improvement program: genetic parameters of harvest body weight and carcass quality traits estimated with models: *Aquaculture* 247: 211-217.
- Ramírez, D, y Egaña, B. 2003. Guía de conceptos de genética cuantitativa. Depto de Producción Agraria, Universidad Pública de Navarra. Edición de 2003.
- Robb, D.H.F; Kestin, S.C, and Warris, P.D, 2000. Muscle activity at slaughter: Changes in flesh colour and gaping in rainbow trout. *Aquaculture* 182: 261-269.

- Rye, M., Gjerde, B. 1996. Phenotypic and genetic parameters of body composition traits and flesh color Atlantic salmon, *Salmo salar* L. Aquac. Res. 27: 121– 133.
- Saura, M., Morán, P., Brotherstone, S., Caballero, A., Álvarez, J., Villanueva, B. 2010. Predictions of response to selection caused by angling in a wild population of Atlantic salmon (*Salmo salar*). Freshwater Biology 55: 923-930.
- Sae-Lim Pania, Hans Komen, Antti Kause and Han A Mulder. 2014. Identifying environmental variables explaining genotype-by-environment interaction for body weight of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*): reaction norm and factor analytic models. Genetics Selection Evolution 46:16.
- Skjervold, P.O; Fjaera, S.O, and Braarod O. 1999. Rigor in Atlantic salmon as affected by crowding stress prior to chilling before slaughter. Aquaculture 175: 93-101.
- Solberg MF, Skaala Ø, Nilsen F, Glover KA. 2013. Does Domestication Cause Changes in Growth Reaction Norms? A Study of Farmed, Wild and Hybrid Atlantic Salmon Families Exposed to Environmental Stress. PLoS ONE 8(1): e54469.
- Tsai Hsin Yuan, Alastair Hamilton, Derrick R Guy, Alan E Tinch, Stephen C Bishop and Ross D Houston. 2015. The genetic architecture of growth and fillet traits in farmed Atlantic salmon (*Salmo salar*). Genetics 16:51.
- Torrissen J, Christiansen R., Struksna R. Estermann. 1995. Astaxanthin deposition in the flesh of Atlantic Salmon, *Salmo salar* L., in relation to dietary astaxanthin concentration and feeding period. Aquaculture Nutrition 1: 77-84.
- Vieira Vera L.A., Ashie Norris, Ian A. Johnston. 2007. Heritability of fibre number and size parameters and their genetic relationship to flesh quality traits in Atlantic salmon (*Salmo salar* L.). Aquaculture 272S1: S100-S109.
- Winkler, F.M., B. Etévez, L.B. Jollán & J.P. Garrido. 2001. Inheritance of the general shell color in the scallop *Argopecten purpuratus* (Bivalvia:Pectinidae), Journal of Heredity 92: 521-525.
- Waagbø R, C. Troëbe, W. Koppe, R. Fontanillas and O. Breck. 2010. Dietary histidine supplementation prevents cataract development in adult Atlantic salmon, *Salmo salar* L., in seawater. British Journal of Nutrition 104: 1460–1470.

- Yam, K. et al. A 2004. simple digital imaging method for measuring and analyzing color of food surfaces. *Journal of Food Engineering* 61: 137–142
- Yousefian, M. 2008. Genetic parameters of growth in rainbow trout, *Oncorhynchus mykiss*, at early rearing stage. *Iranian Journal of Fisheries Sciences* 7: 121-136.
- Yousefian, M., Hosseinzadeh-Sahafi, H., Golshahi, H., Laloei, F., Tagavi, M., Taheri, A., Seidanloo, Y. 2012. Genetic parameters estimation of growth in *Salmo trutta caspius* as a function of body weight and Length. *Iranian Journal of Fisheries Sciences* 11: 214-222.
- Yuan Tsai Hsin, Alastair Hamilton, Derrick R Guy, Alan E Tinch, Stephen C Bishop and Ross D Houston. 2015. The genetic architecture of growth and fillet traits in farmed Atlantic salmon (*Salmo salar*). *BMC Genetics* 16:51.
- Zou Ming, Xiaoting Zhang, Zechao Shi, Li Lin, Gang Ouyang, Guirong Zhang, Huan Zheng, Kaijian Wei , Wei Ji . 2015. A Comparative Transcriptome Analysis between Wild and Albino Yellow Catfish (*Pelteobagrus fulvidraco*). *PLoS ONE* 10(6): e0131504.

**ANEXO FIGURAS**

**Figura 1.** Líneas generacionales del Programa de Mejoramiento Genético de Salmones Camanchaca cepa Lochy.



**Figura 2.** Pescado cosechado y desangrado.



**Figura 3.** Pescado eviscerado con cabeza (HON).



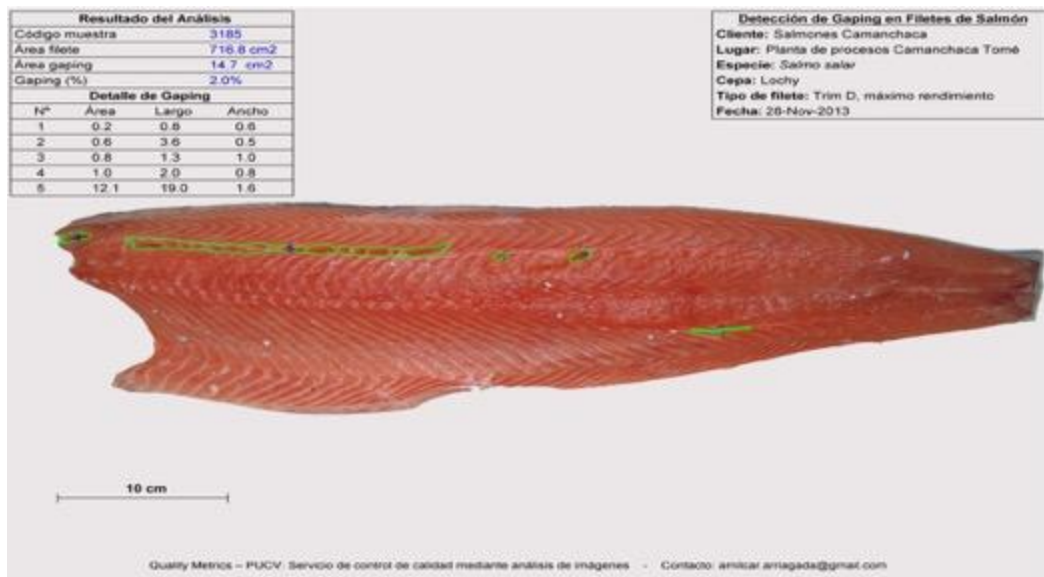
**Figura 4.** Pescado eviscerado sin cabeza (HG).



**Figura 5.** Filete Trim D de máximo rendimiento (TRIMD).

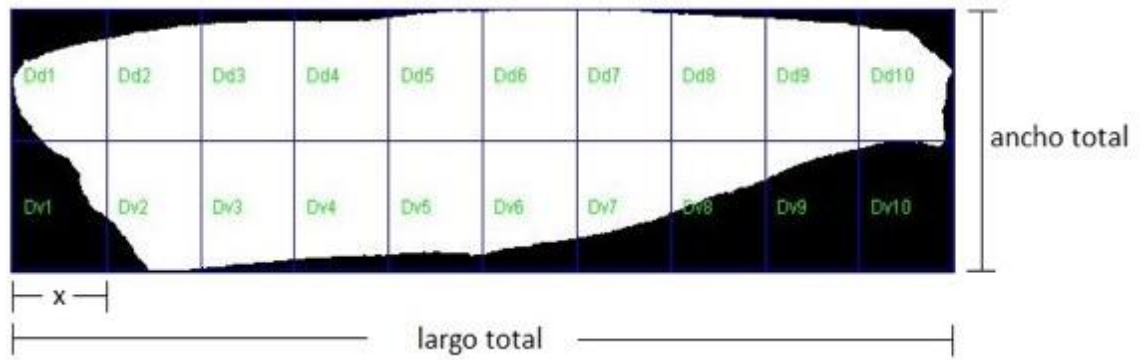


**Figura 6.** Registro fotográfico filete TRIMD para análisis de gaping y color.

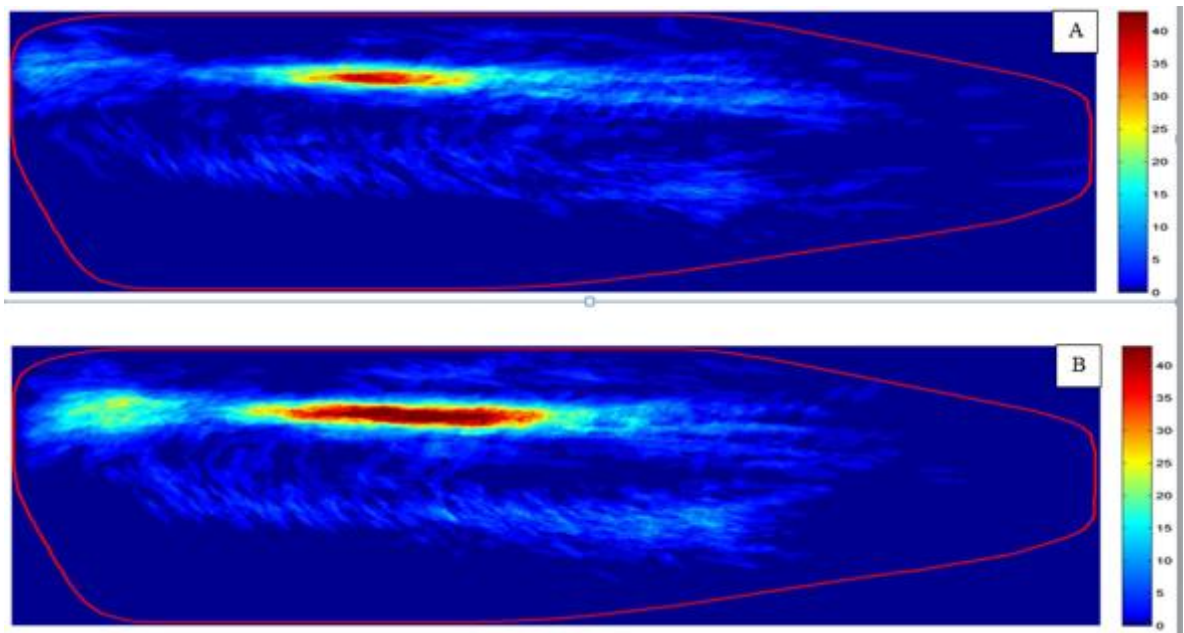


**Figura 7.** Imagen analizada de un filete TRIMD para cuantificación de gaping.

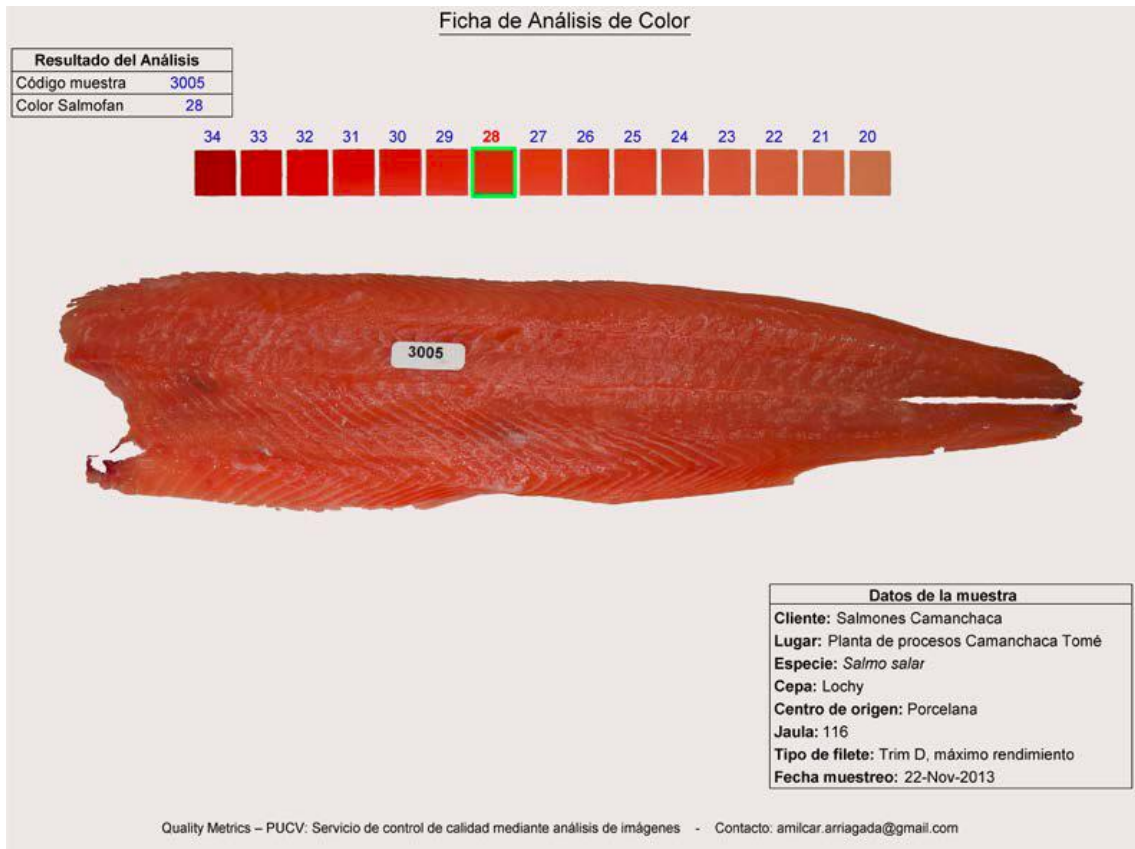




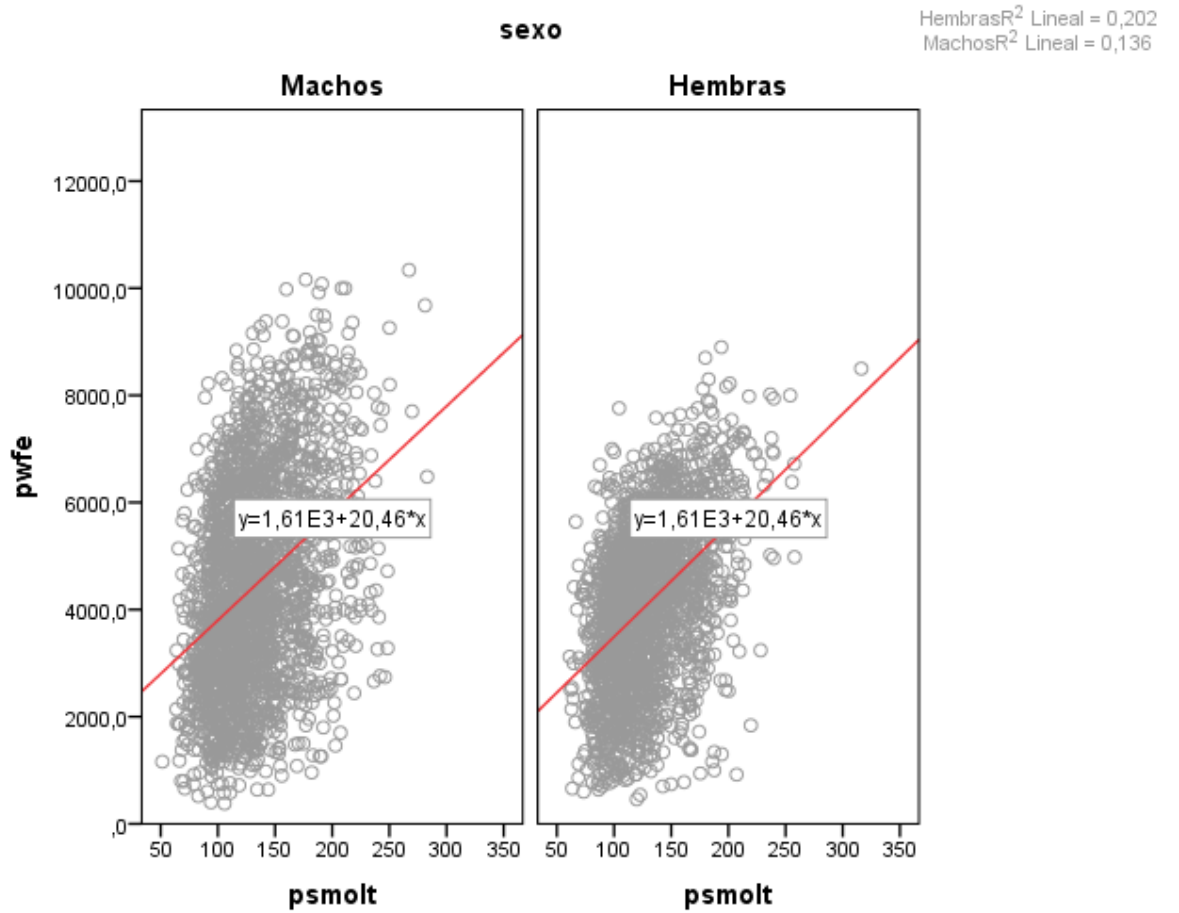
**Figura 8.** Esquema de deciles dorsales y ventrales sobre filete para análisis de imágenes.



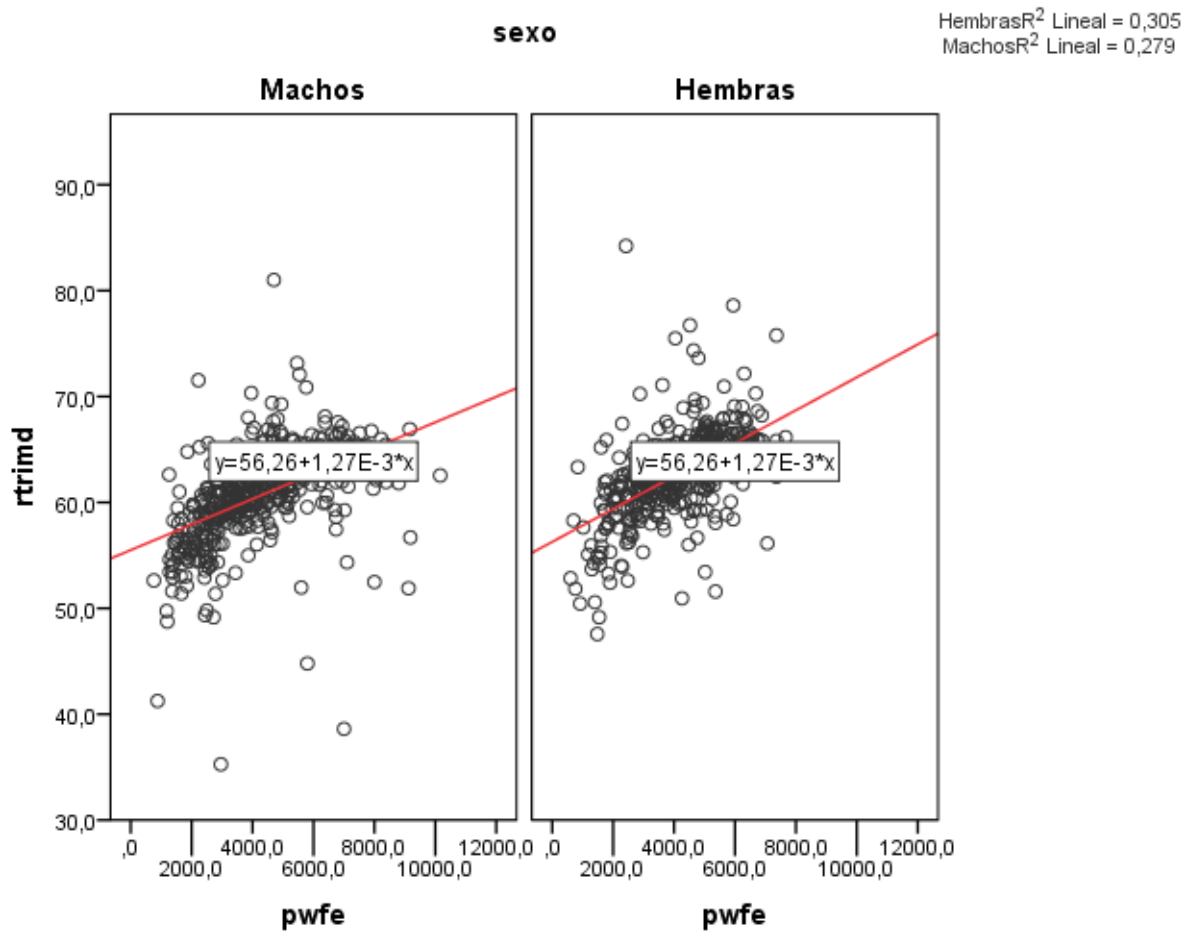
**Figura 9.** Distribución de gaping en la superficie de filetes muestreados. (A) jaula 1 cosechada en octubre, (B) jaula 2 jaula cosechada en noviembre. La zona roja indica áreas con mayor frecuencia de gaping ( $n=998$  ;  $x=7,0 \text{ cm} \pm 7,1$ ).



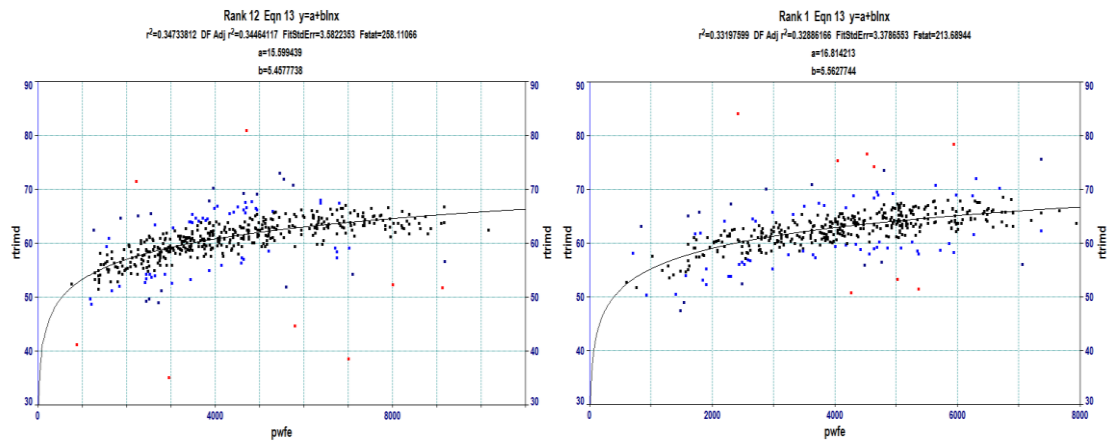
**Figura 10.** Imagen de un filete TRIMD analizado para color mediante análisis de imágenes.



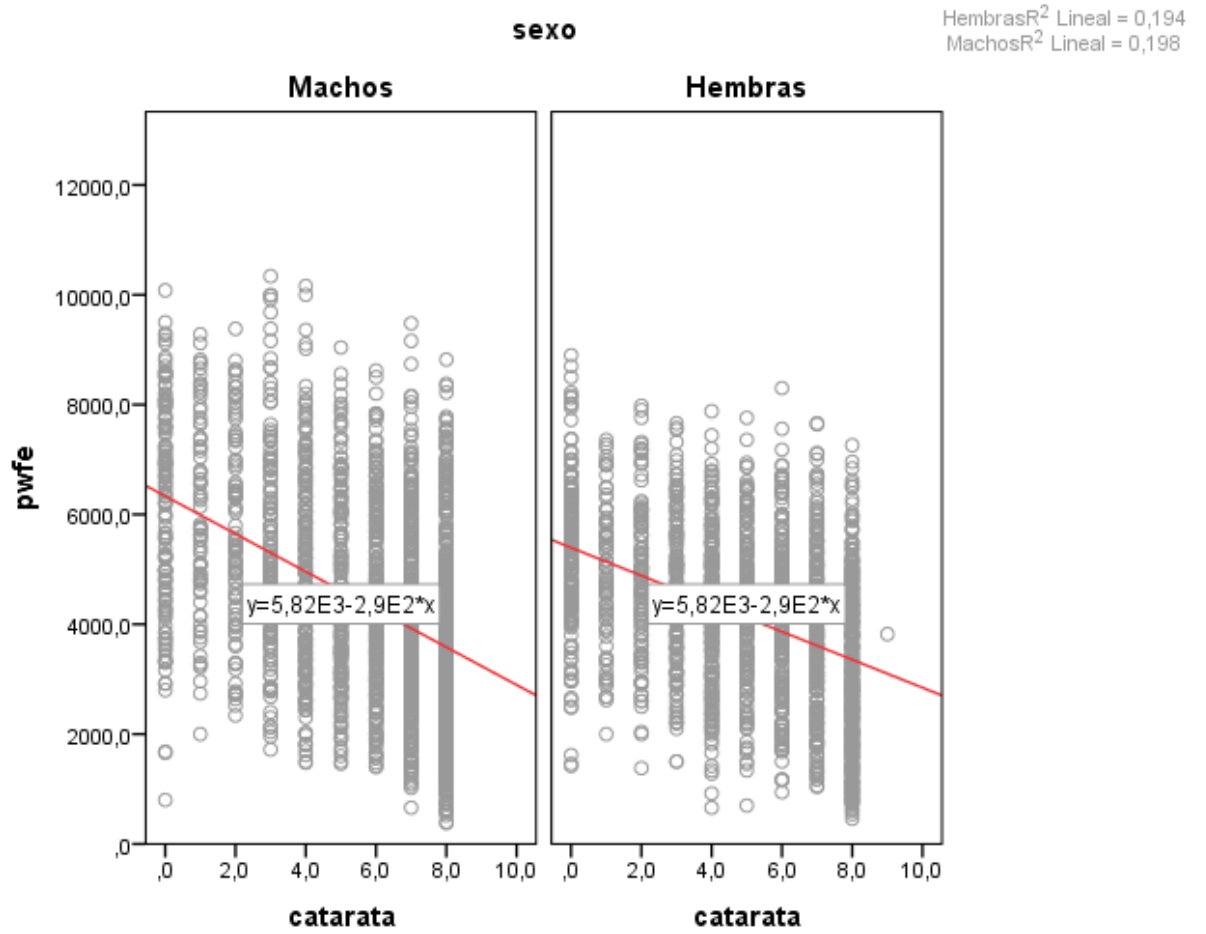
**Figura 11.** Función lineal de la covariable peso smolt (PSMOLT) sobre el rasgo peso cosecha (WFE). (n= 4103, p< 0,00).



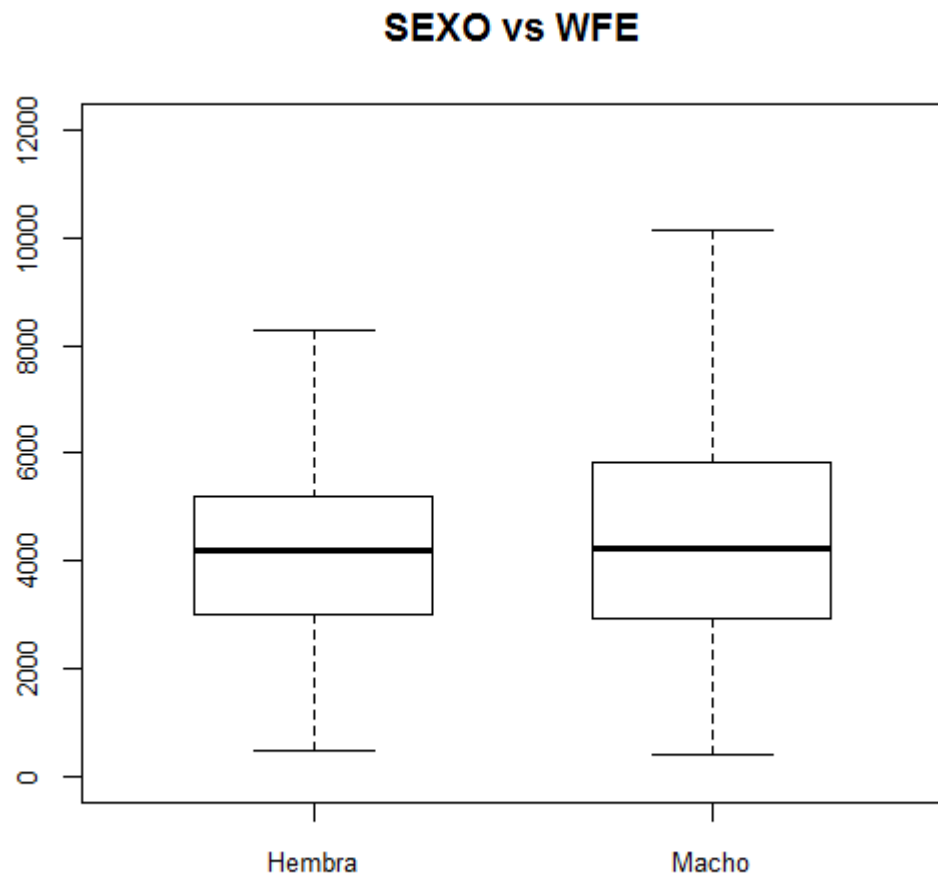
**Figura 12.** Función lineal de la covariable peso cosecha (WFE) sobre el rasgo rendimiento filete trimd (RTRIMD). (n= 919, p< 0,00).



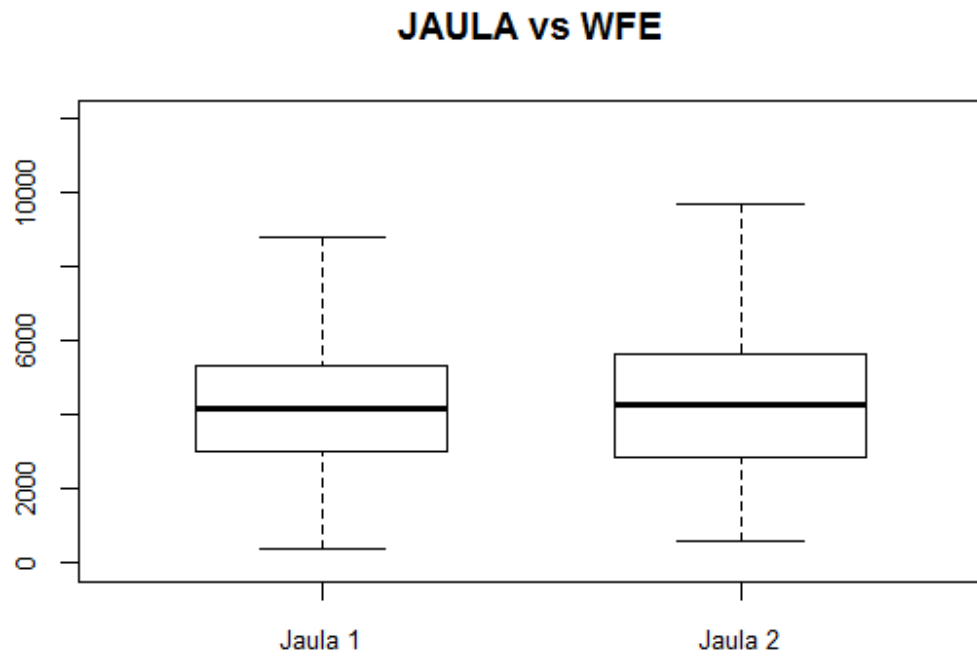
**Figura 13.** Función no lineal de la covariable peso cosecha (WFE) sobre el rasgo rendimiento filete trimd (RTRIMD). (n= 919,  $p < 0,00$ ).



**Figura 14.** Función lineal de la covariable cataratas (CAT) sobre el rasgo peso cosecha (WFE) en Machos y Hembras. (n= 2161, p< 0,00).

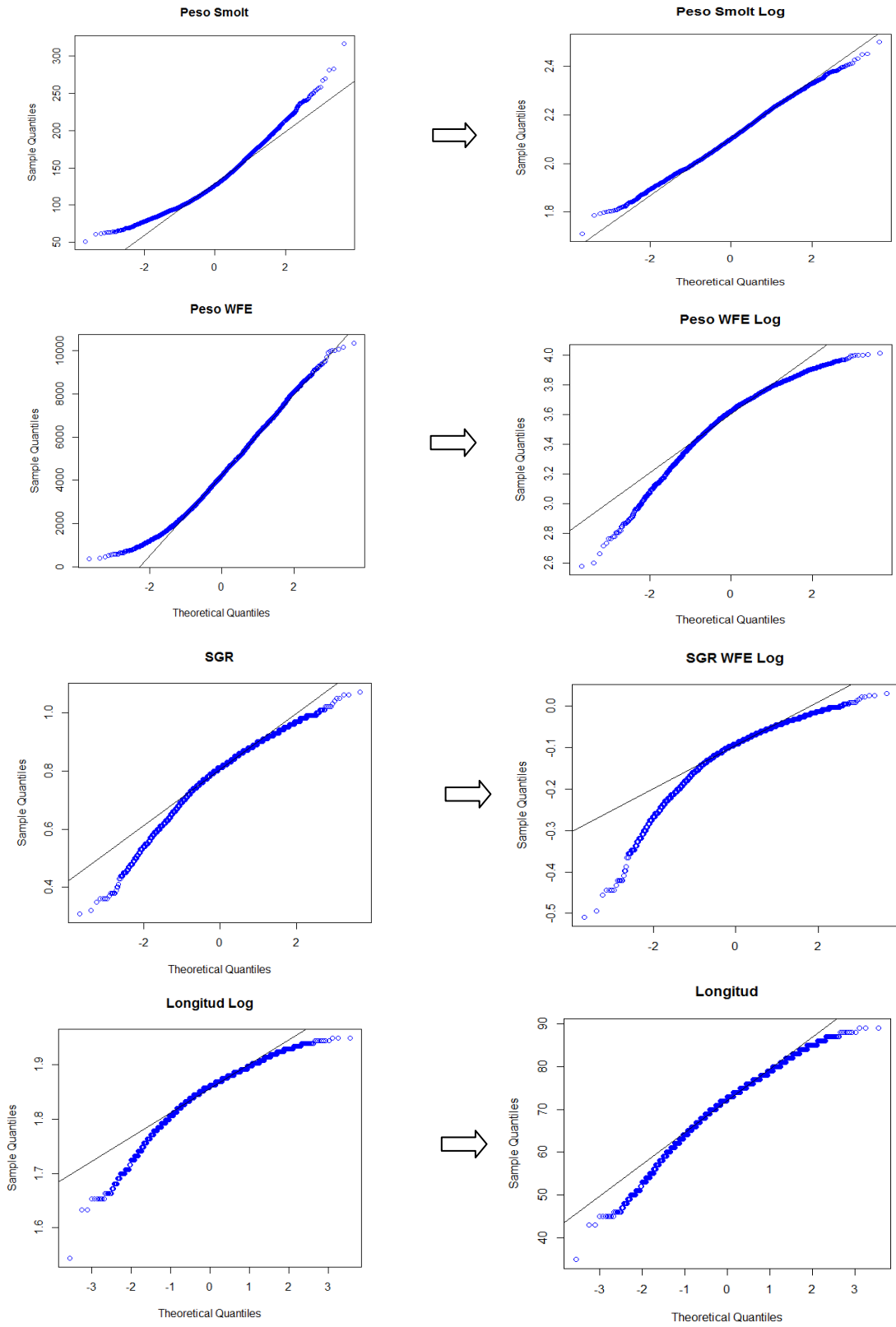


**Figura 15.** Efecto de la variable sexo (macho o hembra) sobre el rasgo peso cosecha (WFE). (n= 4103,  $p < 0,00$ ).

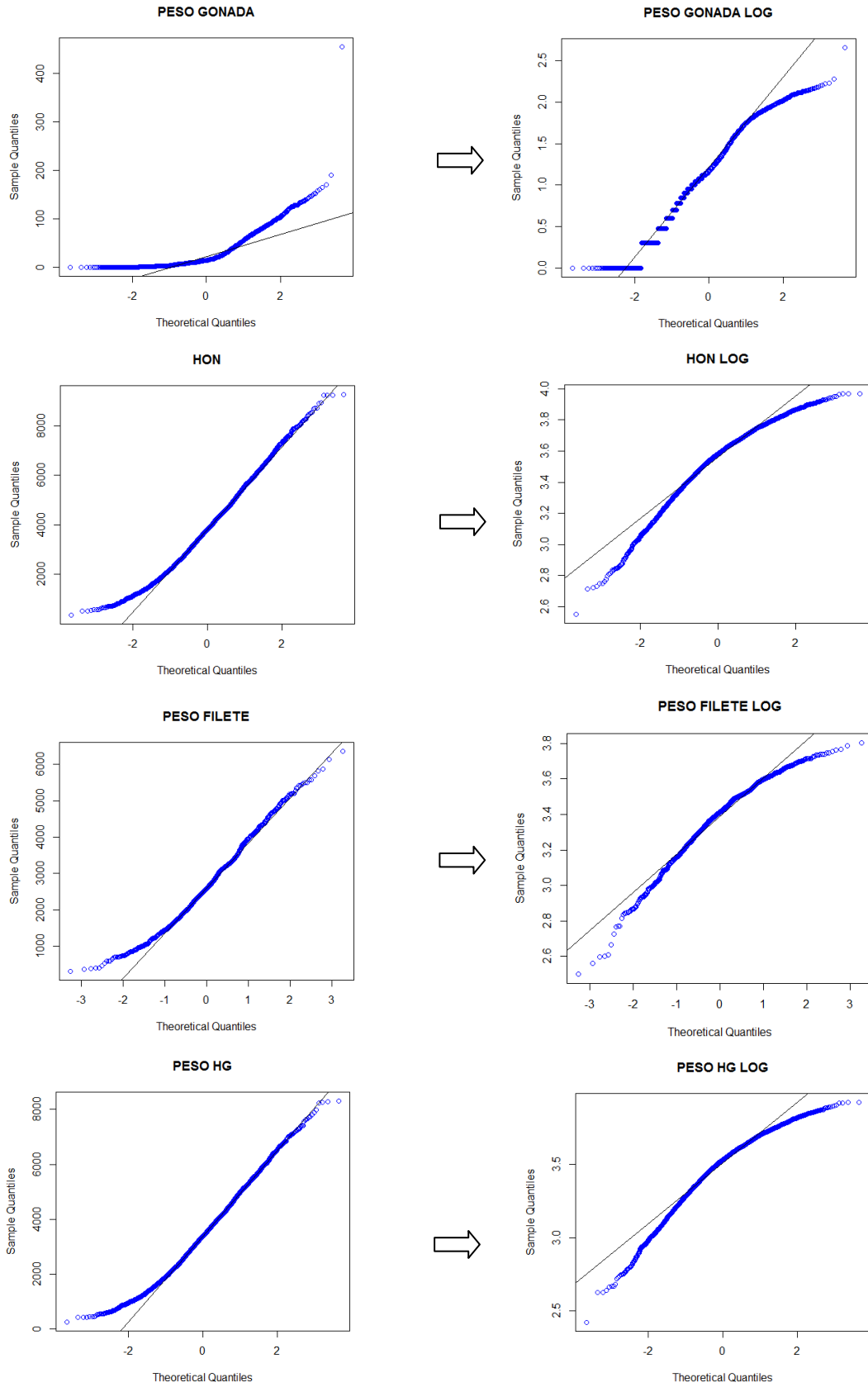


**Figura 16.** Efecto de la variable jaula (J1 y J2) sobre el rasgo peso cosecha (WFE). (n= 4103,  $p < 0,00$ ).

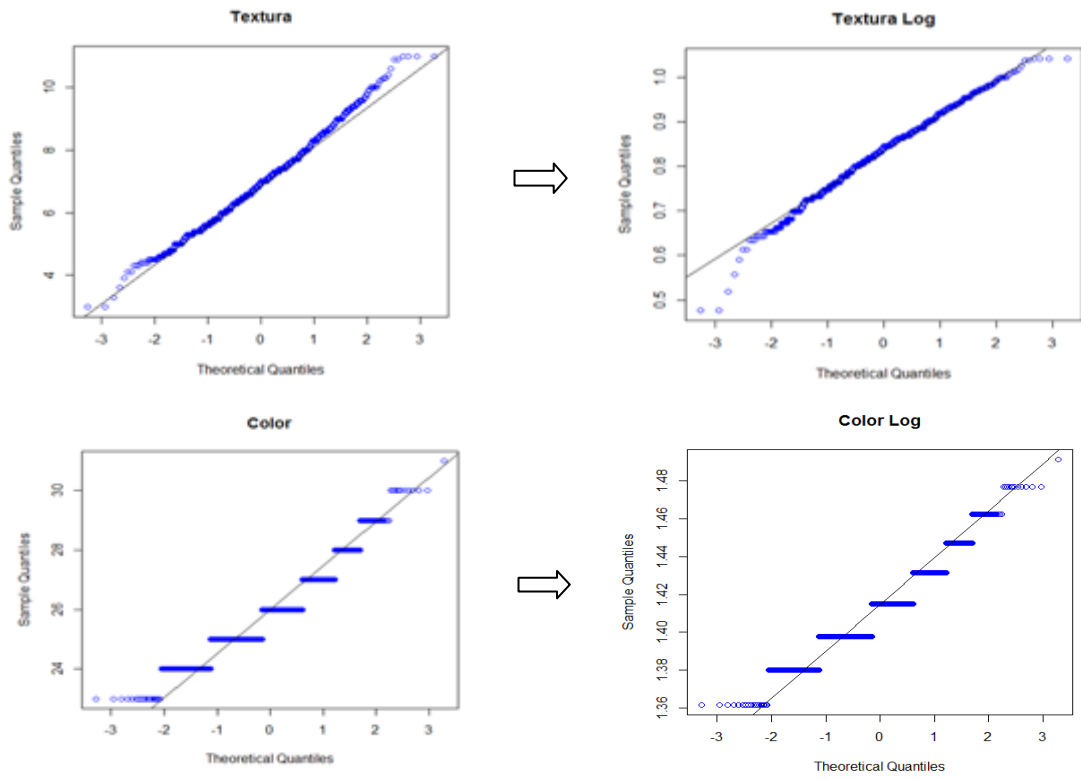




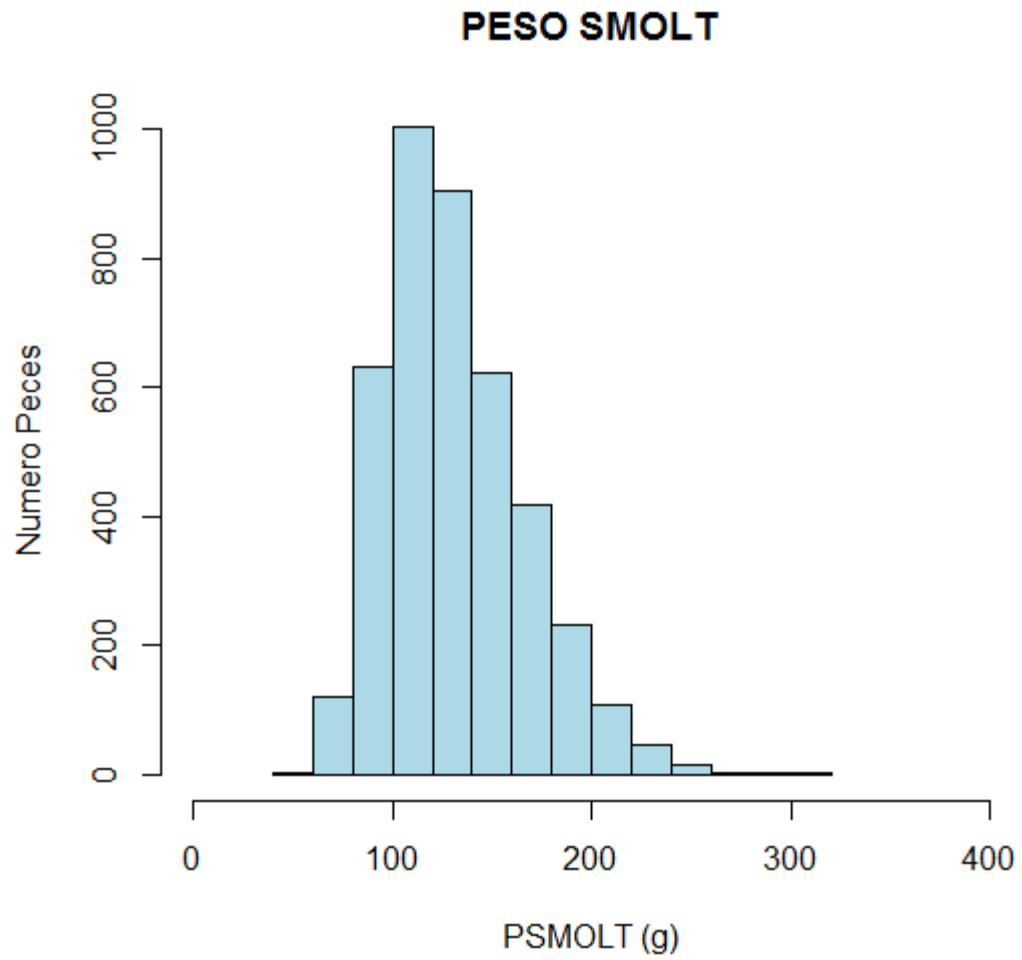
**Figura 17.** Test de normalidad gráfico Cuartil-Cuartil para registros de crecimiento PSMOLT, WFE, SGR, LC.



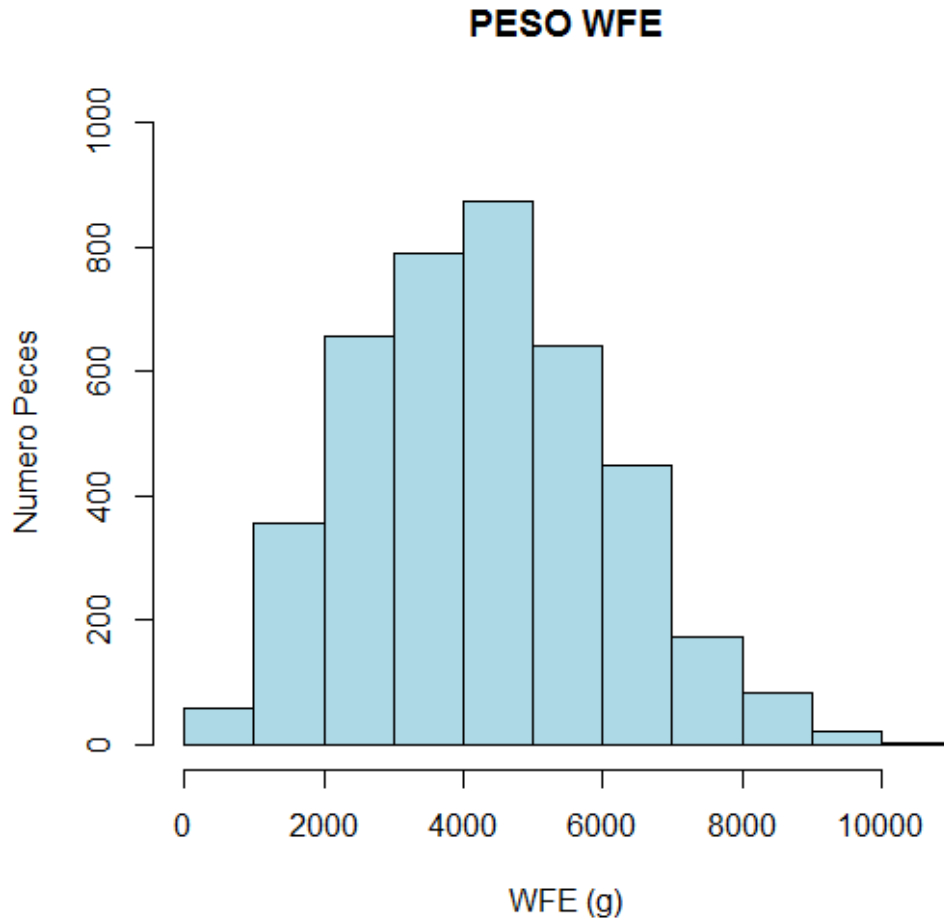
**Figura 18.** Test de normalidad gráfico Cuartil-Cuartil para registros de rendimiento PGON, HON, TRIMC, HG.



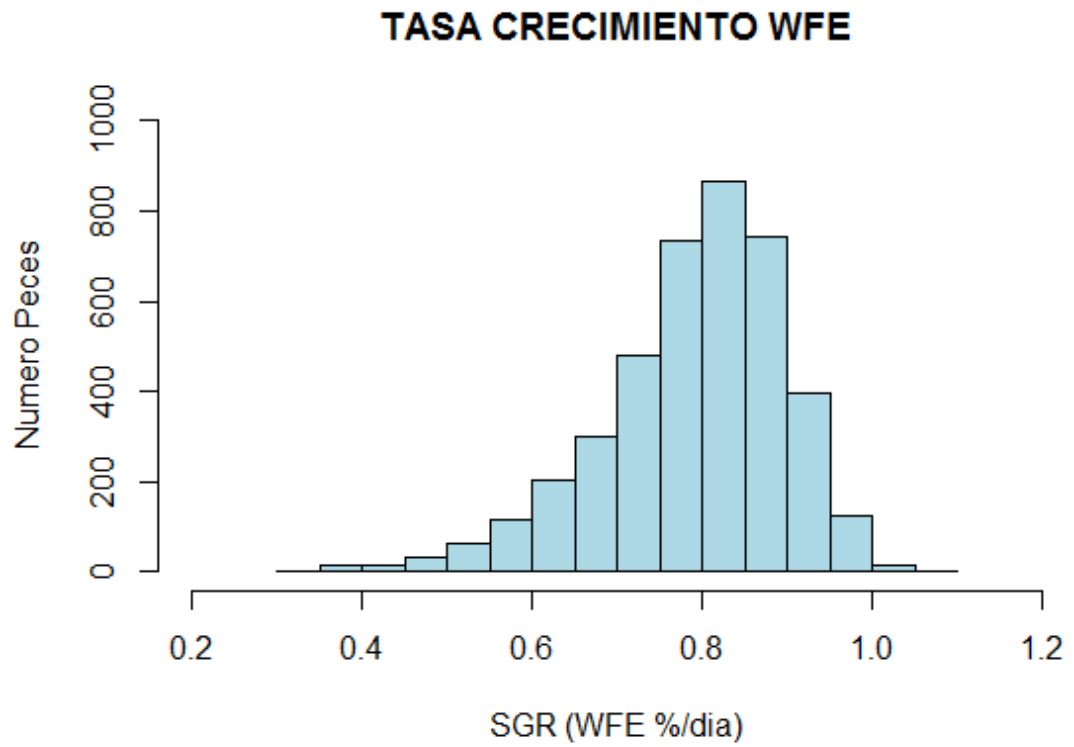
**Figura 19.** Test de normalidad gráfico Cuartil-Cuartil para rasgos de calidad TXT y Color.



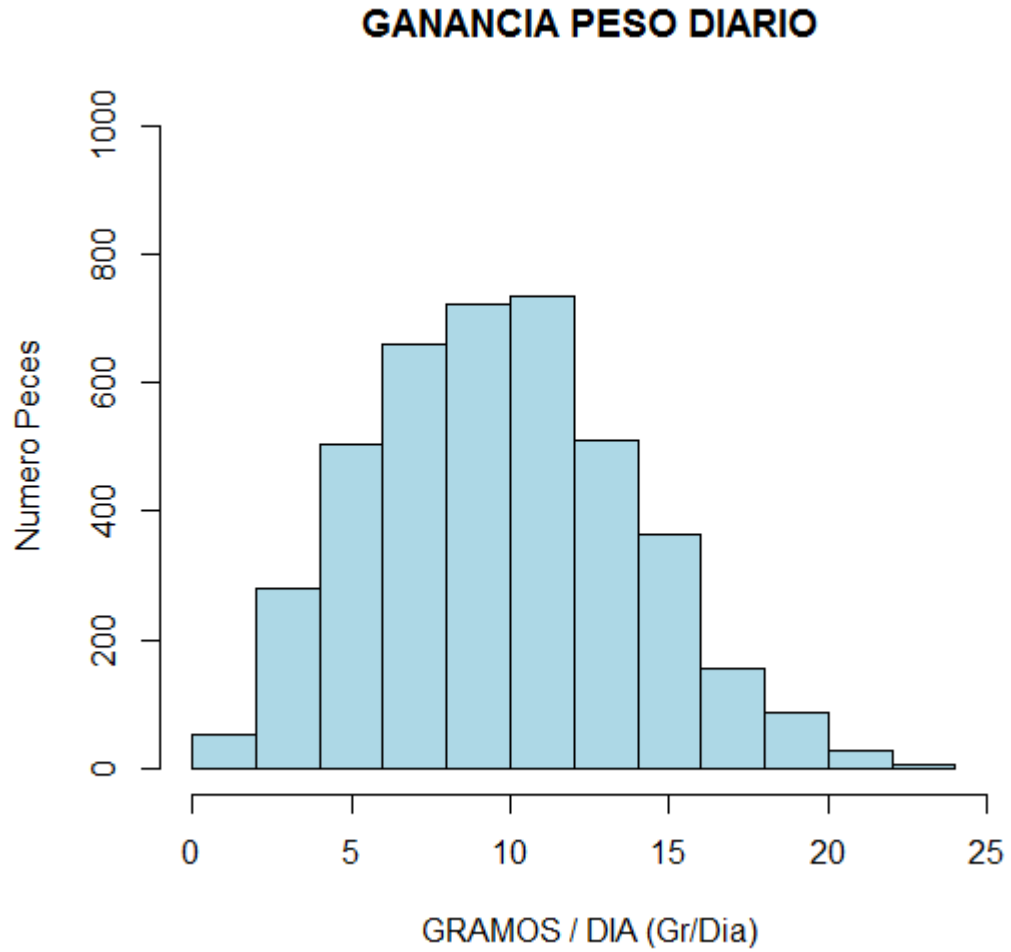
**Figura 20.** Distribución de frecuencia peso smolt (PSMOLT) (n=4013 ;  $\bar{x}=131,6 \pm 34,7$  gr).



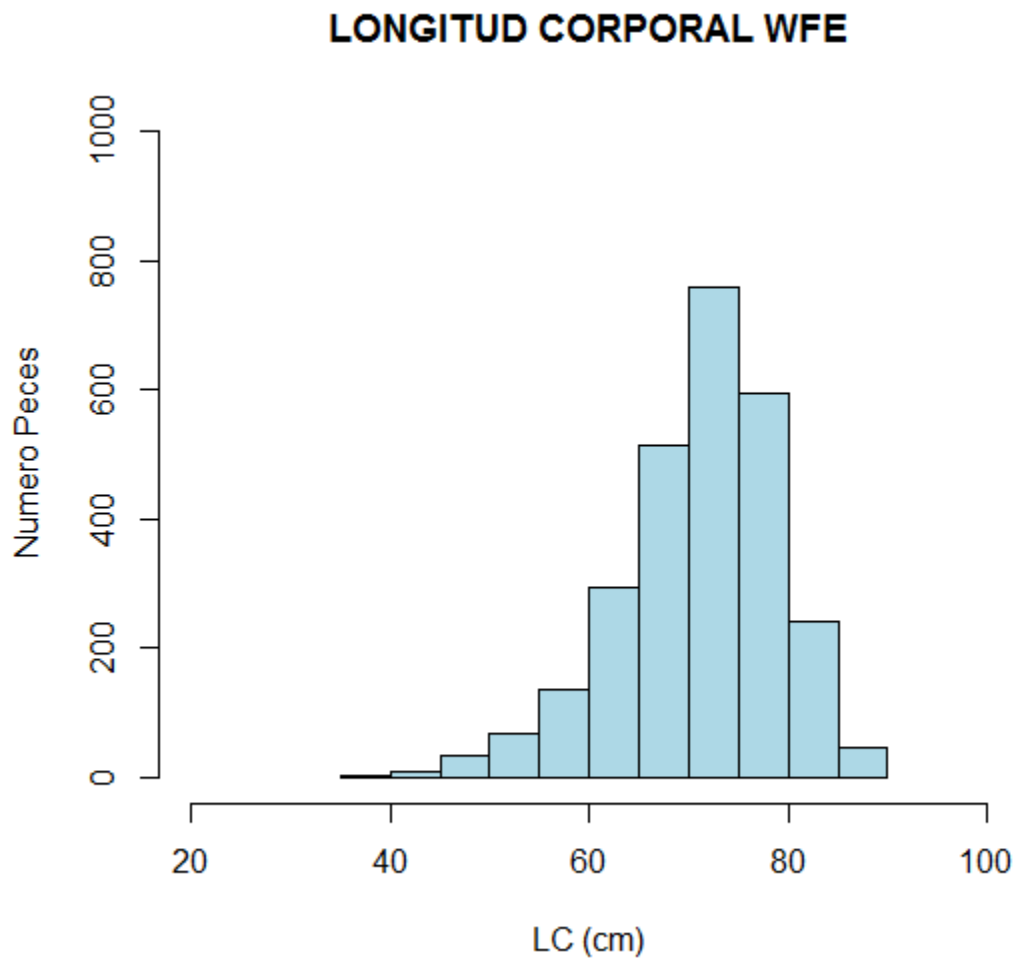
**Figura 21.** Distribución de frecuencia peso cosecha (WFE)  
( $n=4013$ ;  $\bar{x}=4297,5 \pm 1774,6$  gr).



**Figura 22.** Distribución de frecuencia tasa de crecimiento (SGR)(n=4103 ;  $x = 0,795 \pm 0,1 \%$ ).

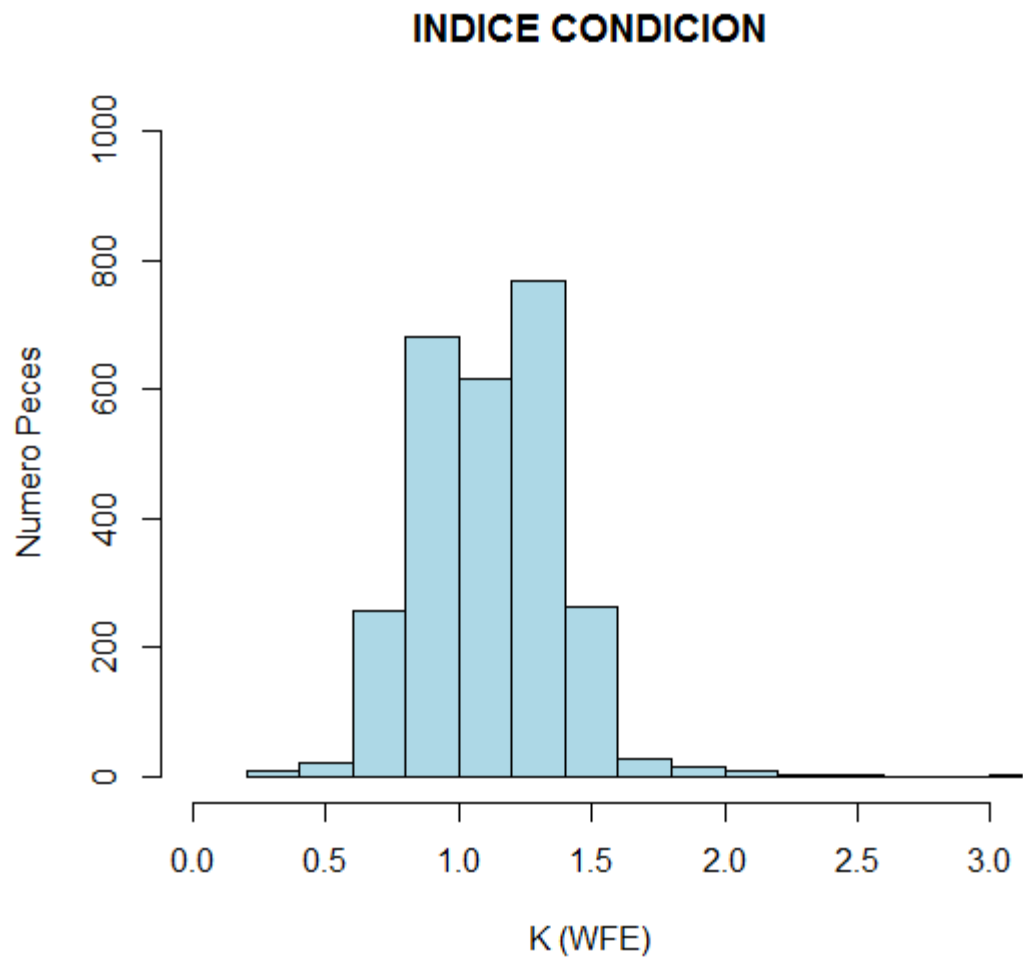


**Figura 23.** Distribución de frecuencia ganancia diaria de peso (GRD) (n=4103 ;  $x = 9,7 \pm 4,1$  gr).

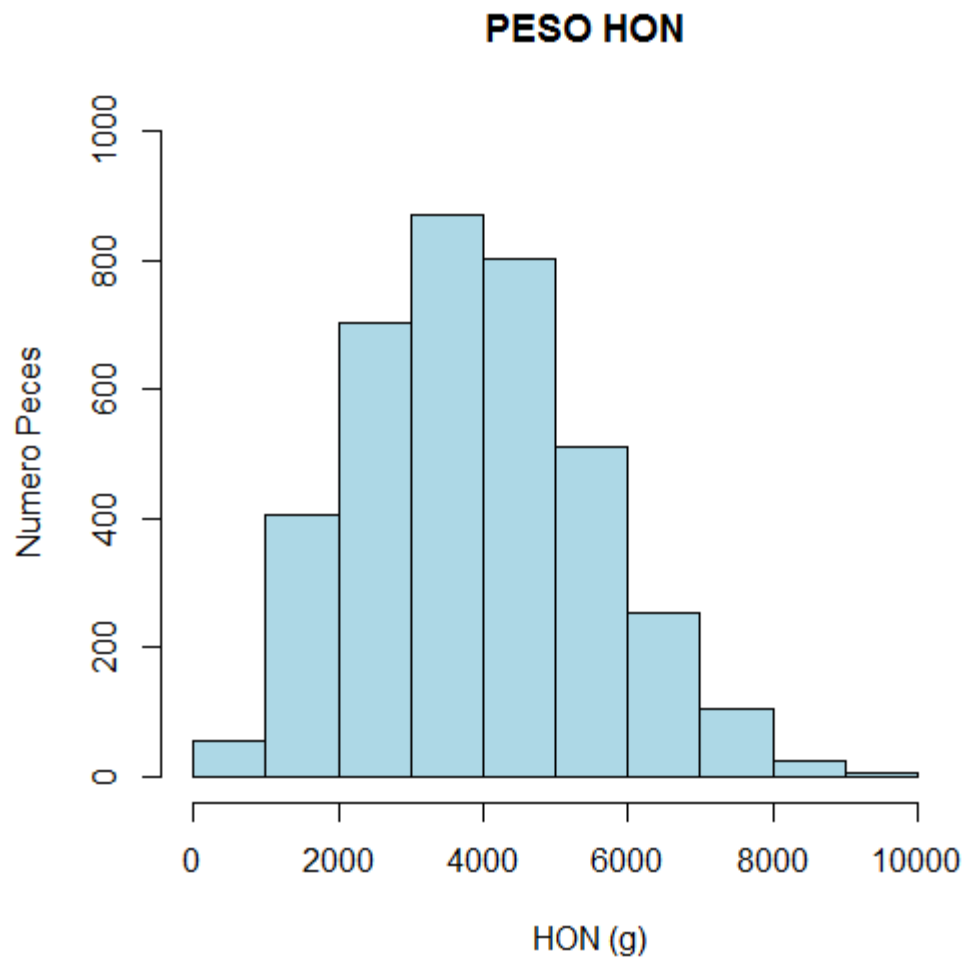


**Figura 24.** Distribución de frecuencia ganancia longitud pez (LC) (n=2699 ;  $x = 71,6 \pm 7,9$  gr).

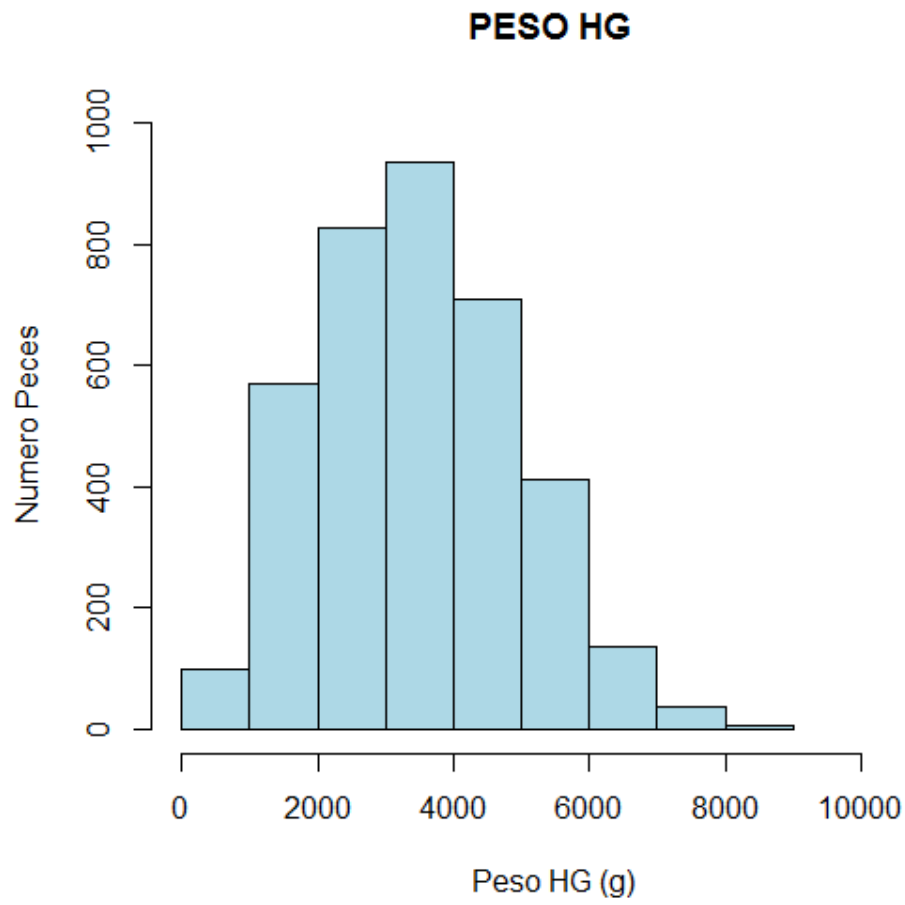




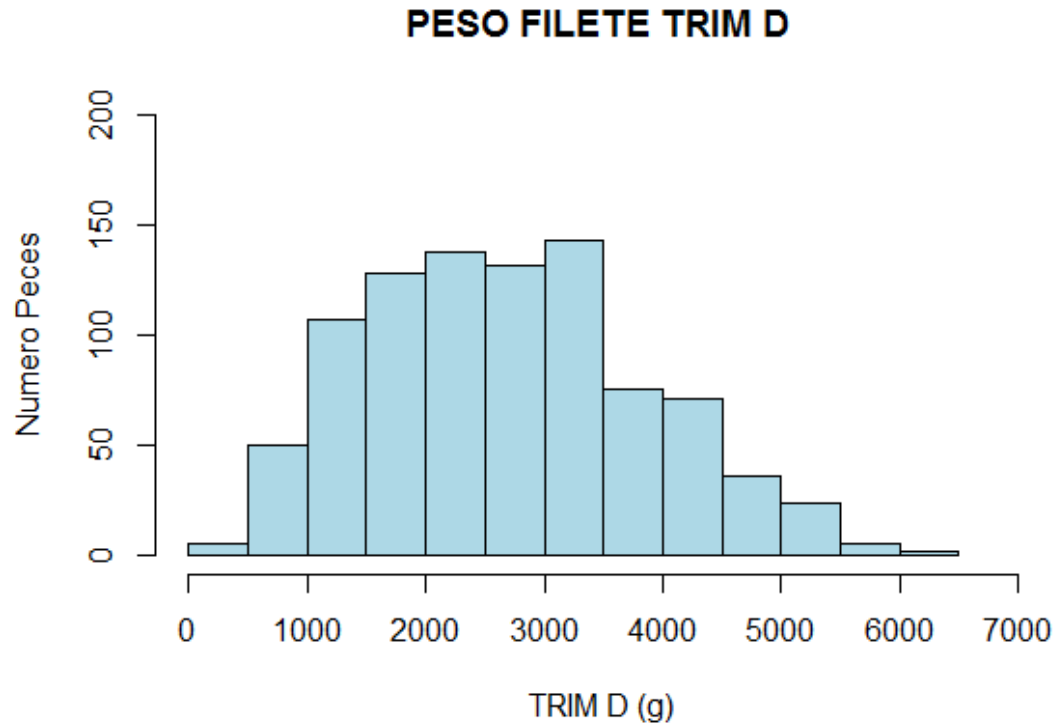
**Figura 25.** Distribución de frecuencia índice de condición a la cosecha (K) (n=2699 ;  $\bar{x} = 1,1 \pm 0,3$ ).



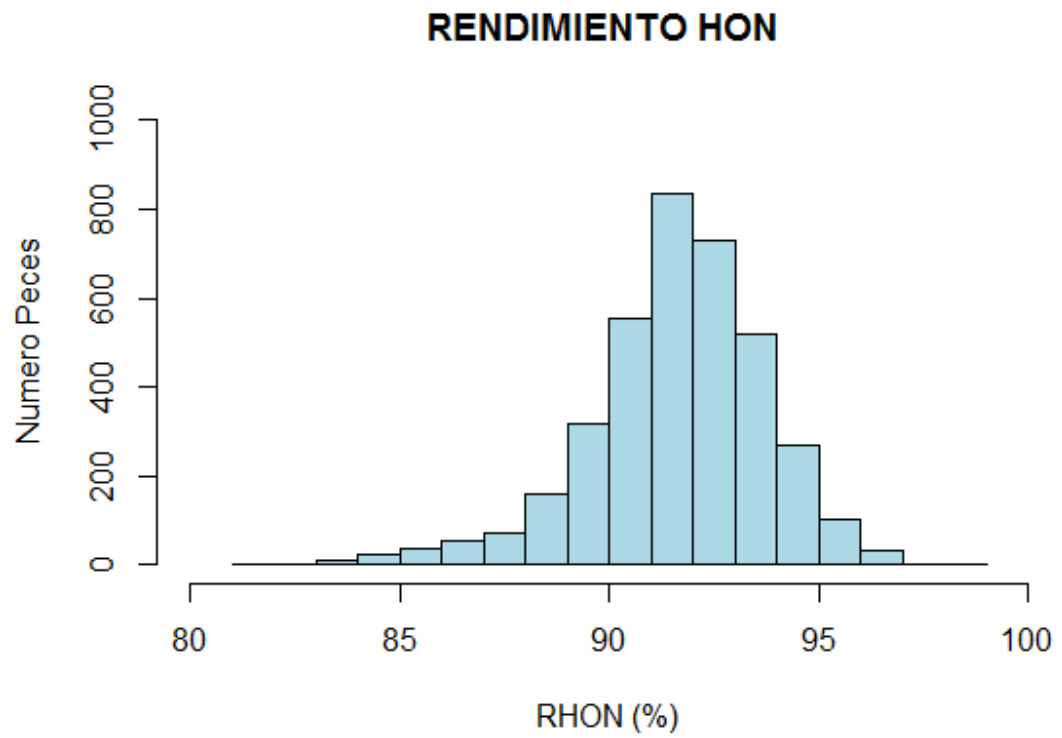
**Figura 26.** Distribución de frecuencia pez eviscerado con cabeza (HON)  
(n=3729 ;  $\bar{x}$ = 3892  $\pm$  1602 gr).



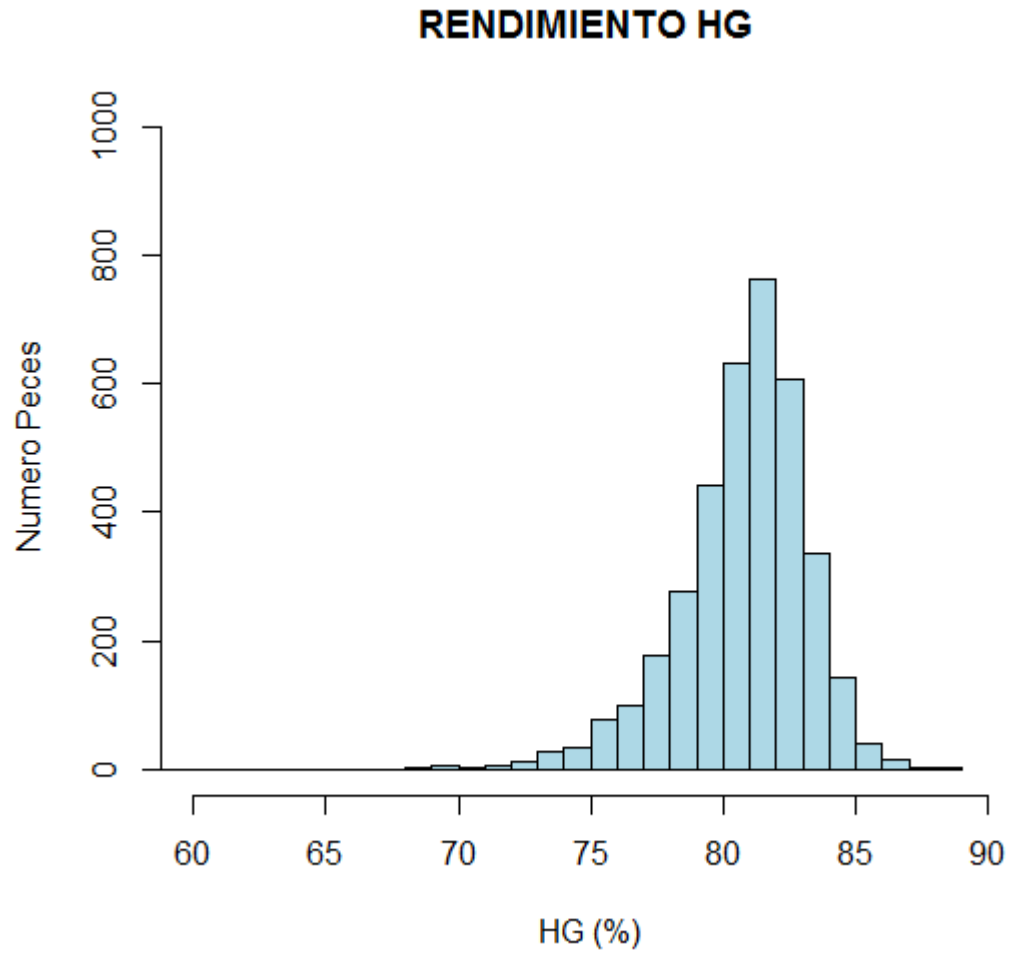
**Figura 27.** Distribución de frecuencia pez eviscerado sin cabeza (HG) (n=3729 ;  $\bar{x}$ = 3452,6  $\pm$  1453,7 gr).



**Figura 28.** Distribución de frecuencia filete Trim D (TRIMD) (n=919 ;  $x = 2684,6 \pm 1165,6$  gr).

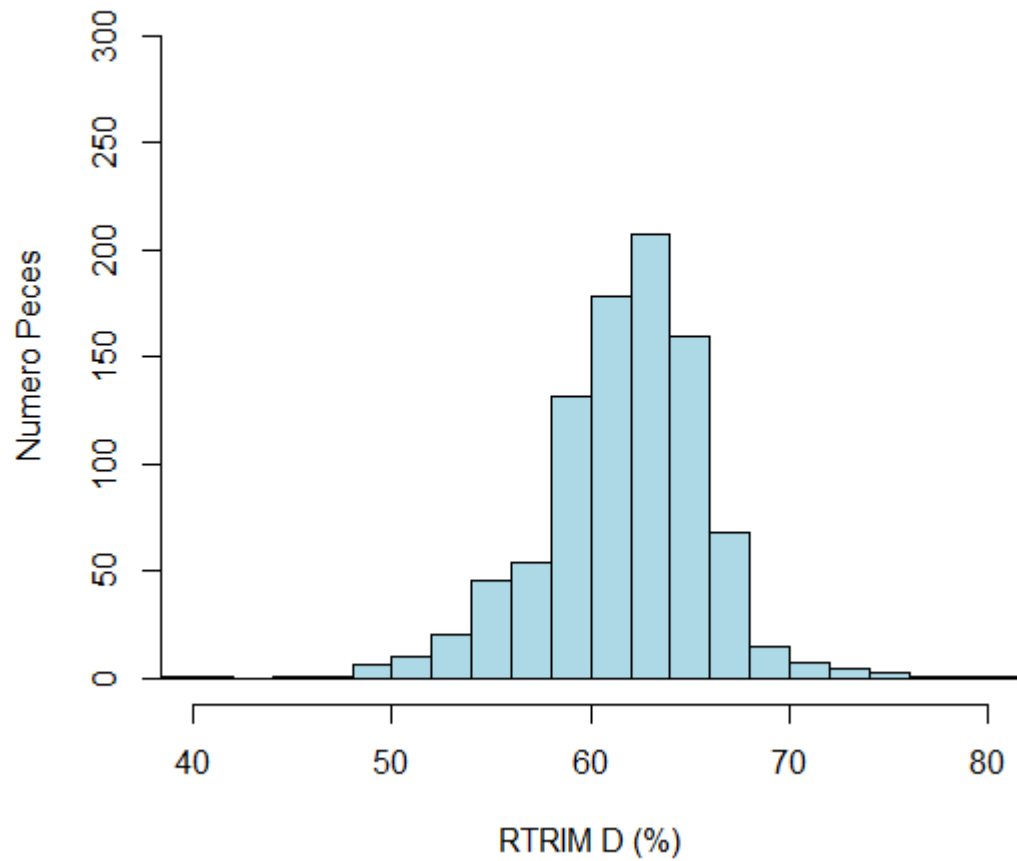


**Figura 29.** Distribución de frecuencia rendimiento pez con cabeza (RHON)(n=3729 ;  $\bar{x} = 91,6 \pm 2,1$  %).

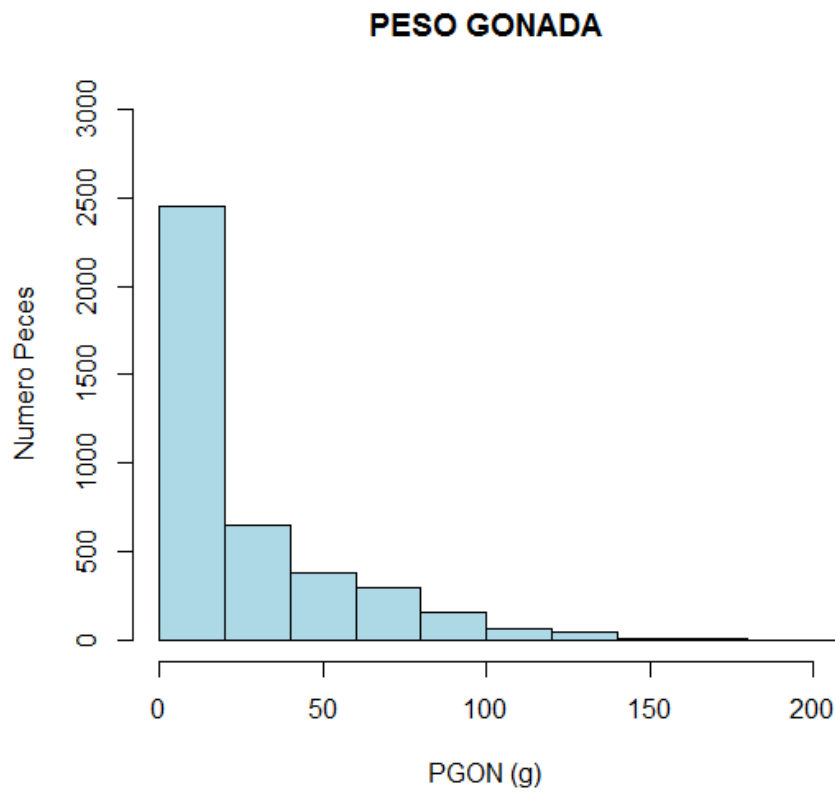


**Figura 30.** Distribución de frecuencia rendimiento pez sin cabeza (RHG)(n=3698 ;  $x = 80,8 \pm 2,4$  %).

### RENDIMIENTO FILETE TRIM D

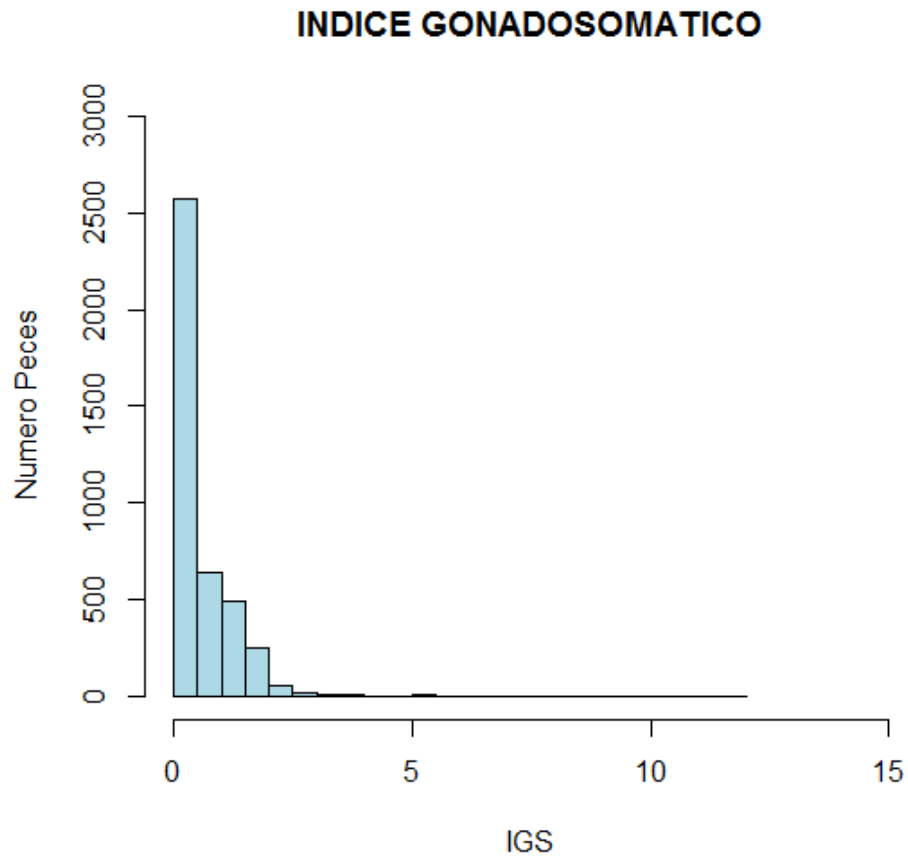


**Figura 31.** Distribución de frecuencia rendimiento filete trim D (RTRIMD)(n=919 ;  $x=61,7 \pm 4,4$  %).

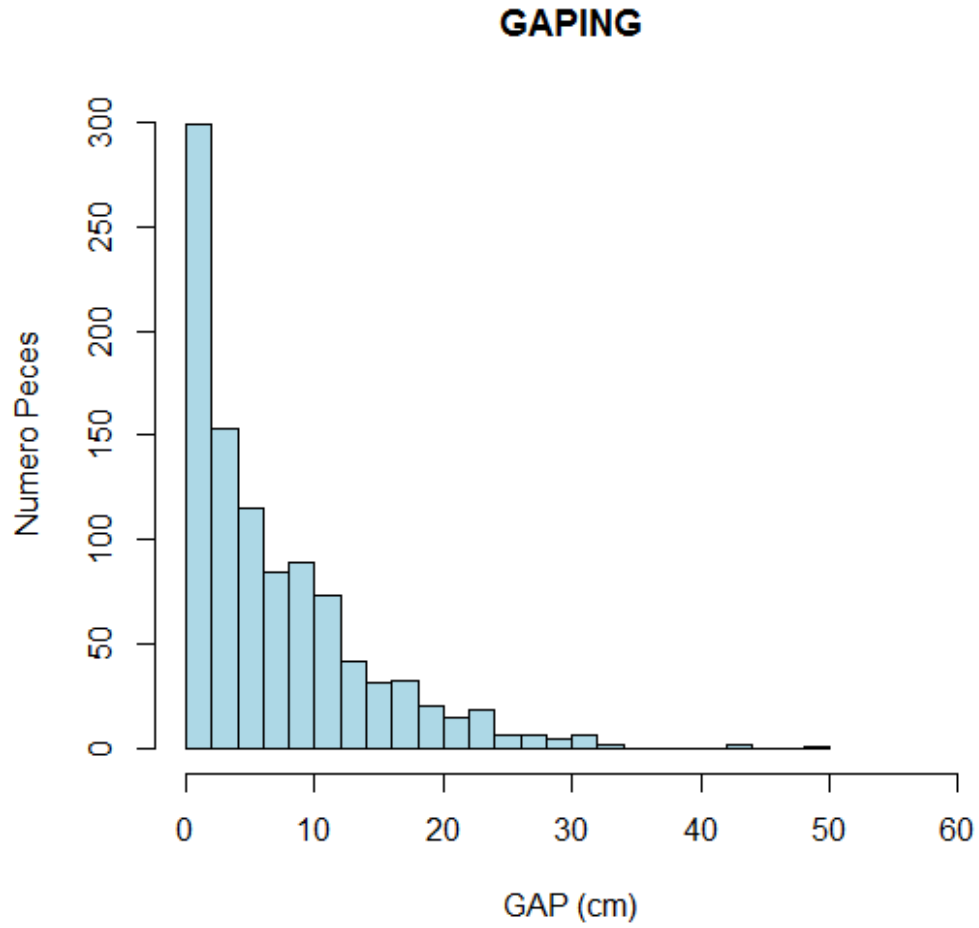


**Figura 32.** Distribución de frecuencia peso gonadas (PGON) (n=4032 ;  $\bar{x} = 26,9 \pm 29,2$  gr).

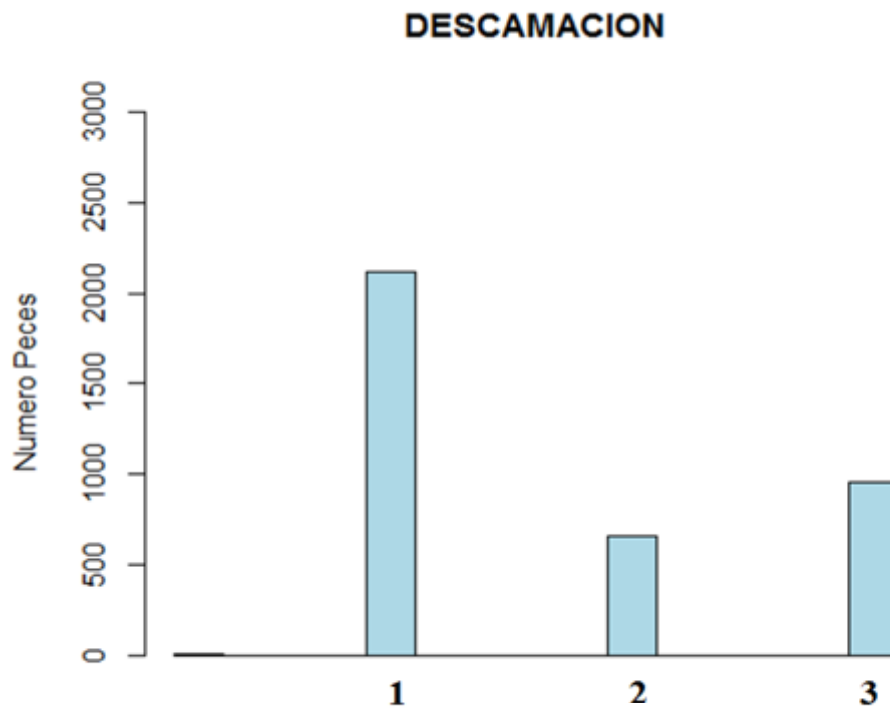




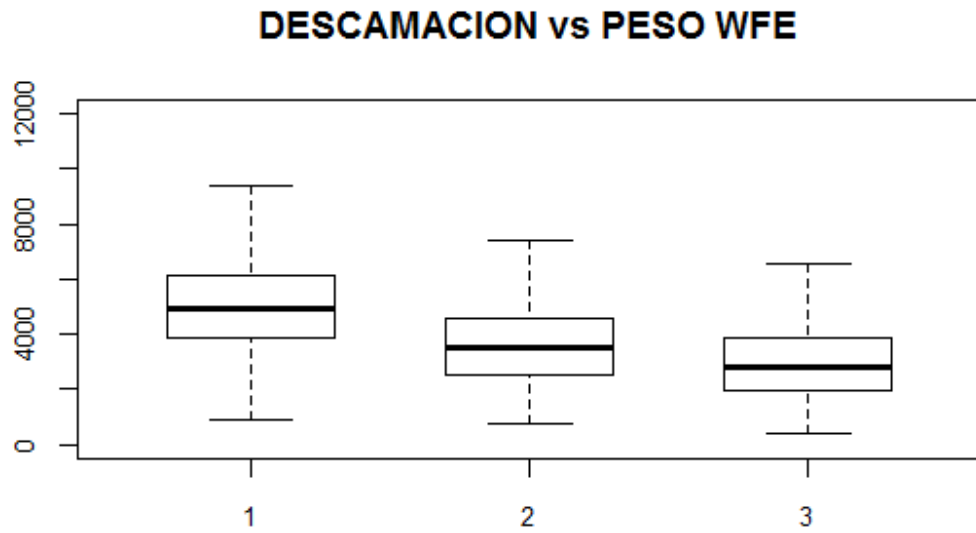
**Figura 33.** Distribución de frecuencia índice gonadosomático (IGS) (n=4032 ;  $\bar{x} = 1,0 \pm 0,6 \%$ ).



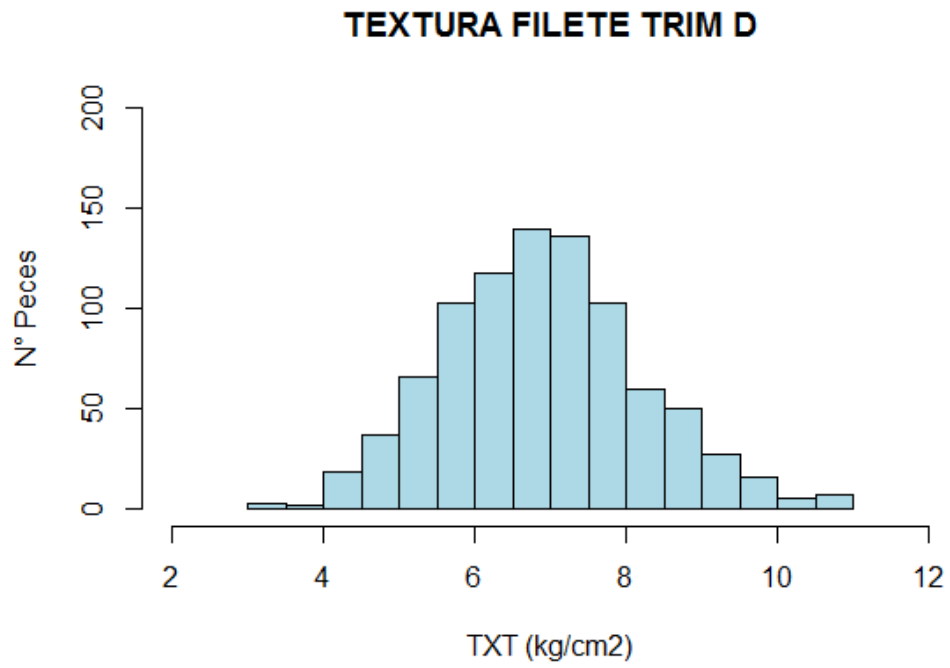
**Figura 34.** Distribución de frecuencia gapping (GAP) (n=998 ;  $\bar{x}=7,0 \pm 7,1$  cm).



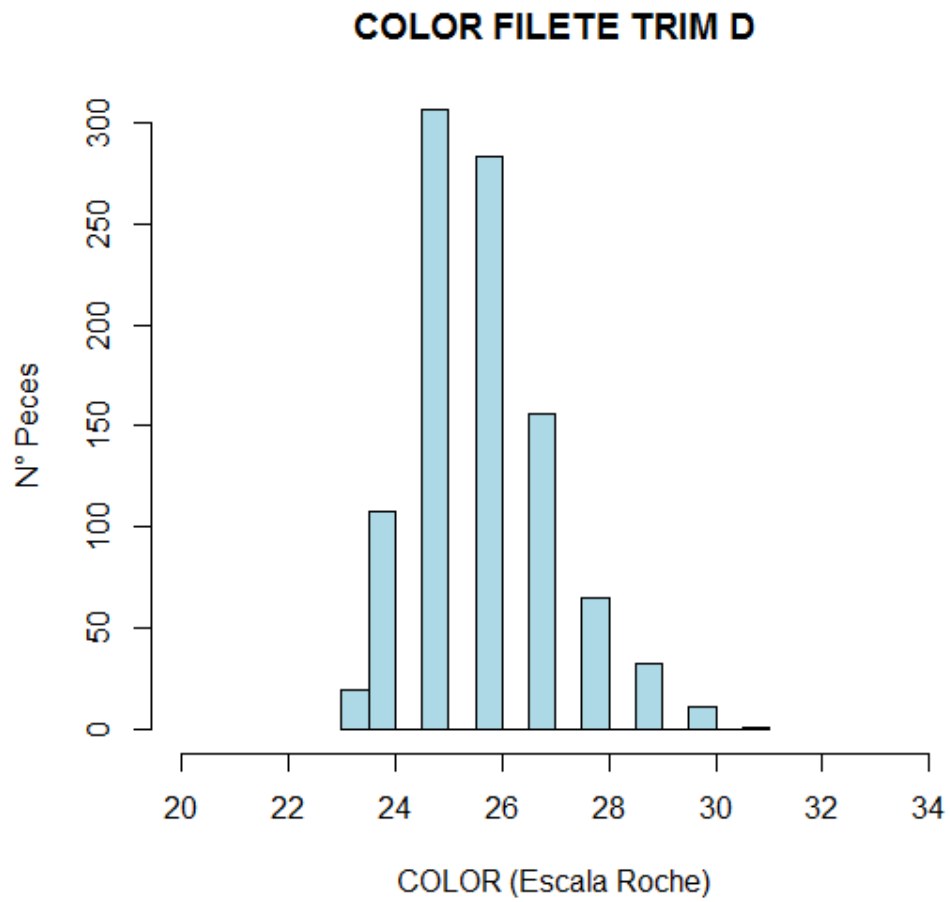
**Figura 35.** Distribución de frecuencia descamación (DESC) (n=3728).



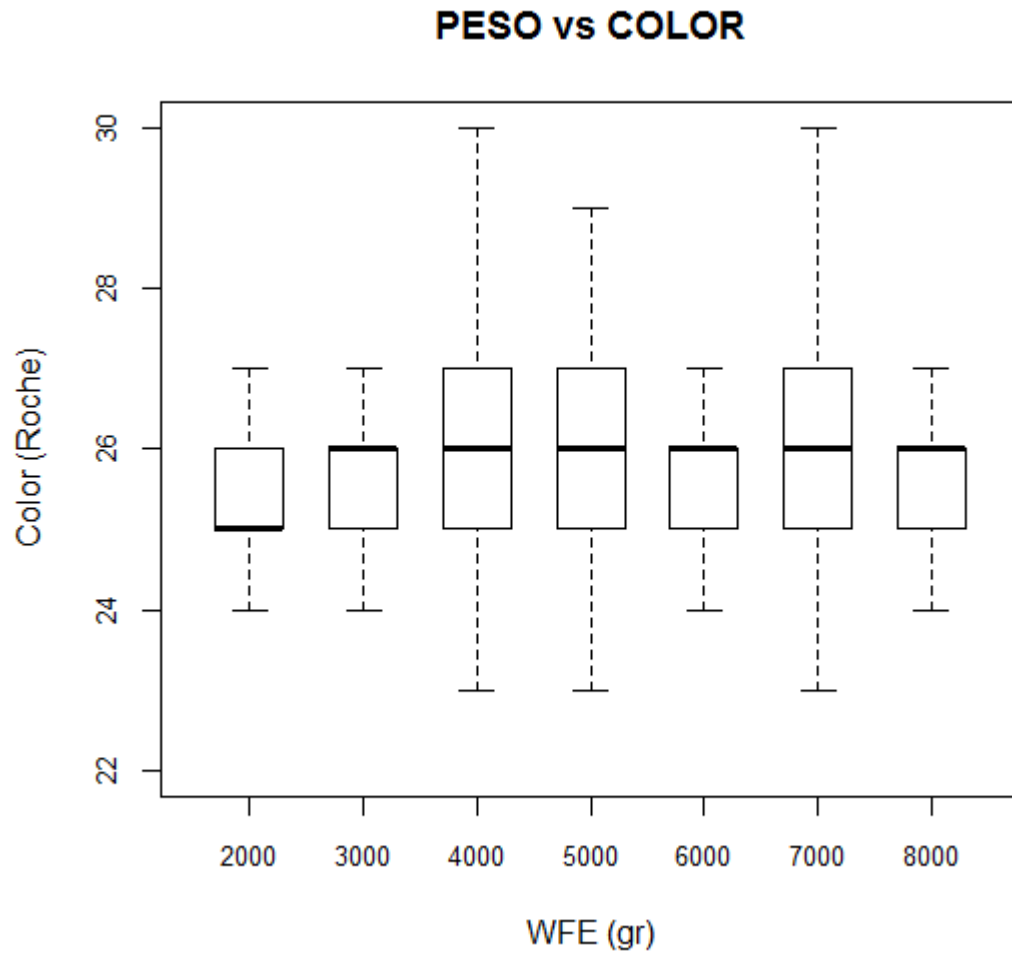
**Figura 36.** Relación entre grado de descamación (DESC) y el peso de Cosecha de los peces (WFE).



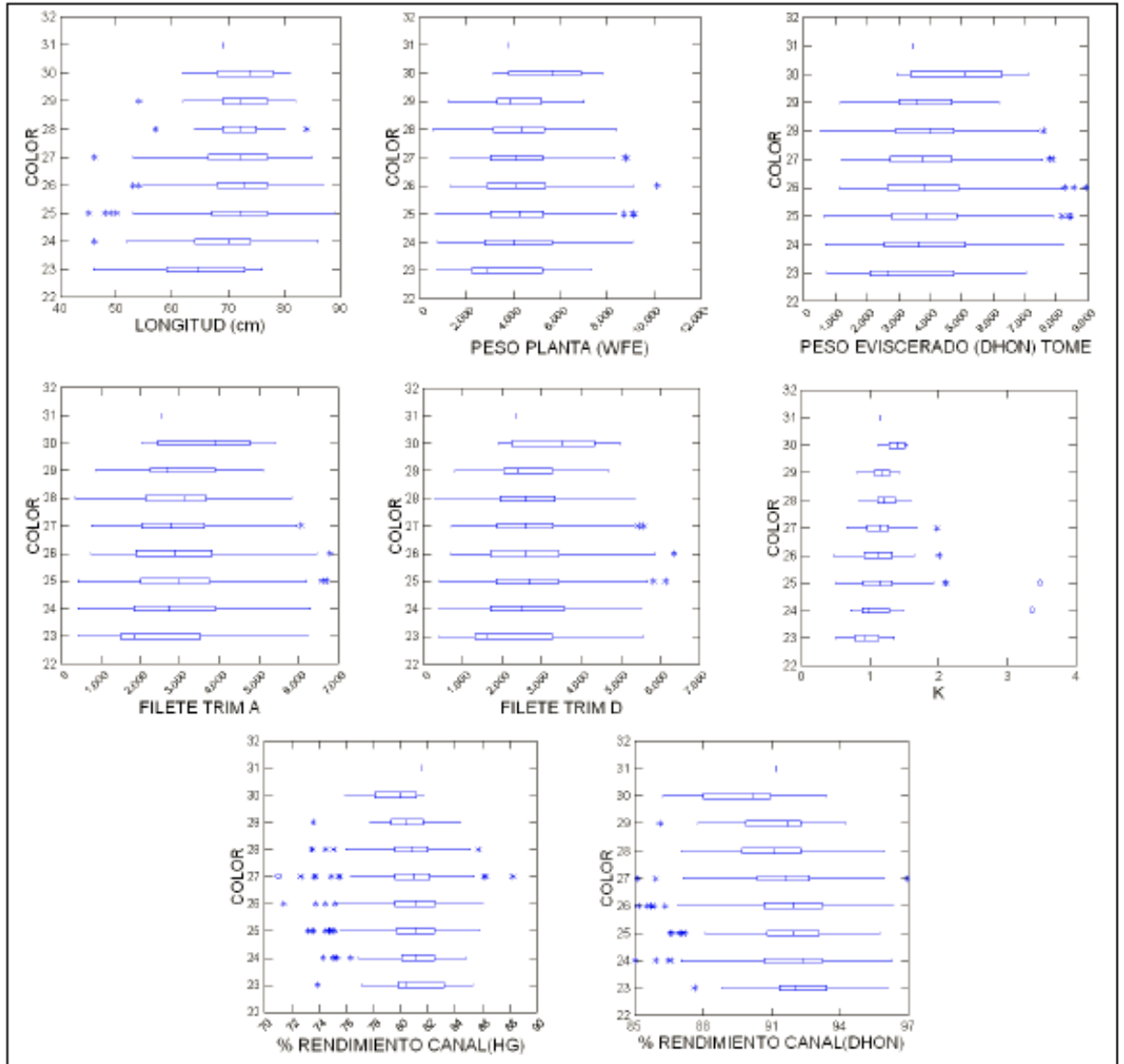
**Figura 37** Distribución de frecuencia textura filete (TXT) (n=894;  $\bar{x} = 7,0 \pm 1,3$  kg/cm).



**Figura 38.** Distribución de frecuencia color filete (COLOR) (n=982;  $x = 25,8 \pm 1,4$ ).

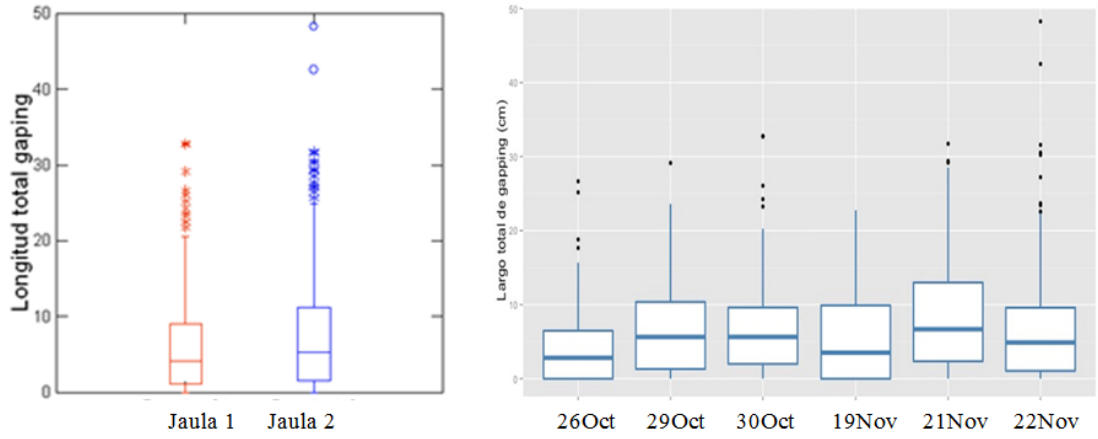


**Figura 39.** Distribución de color filete en función del peso WFE. (n=982;  $x = 25,8 \pm 1,4$ ).

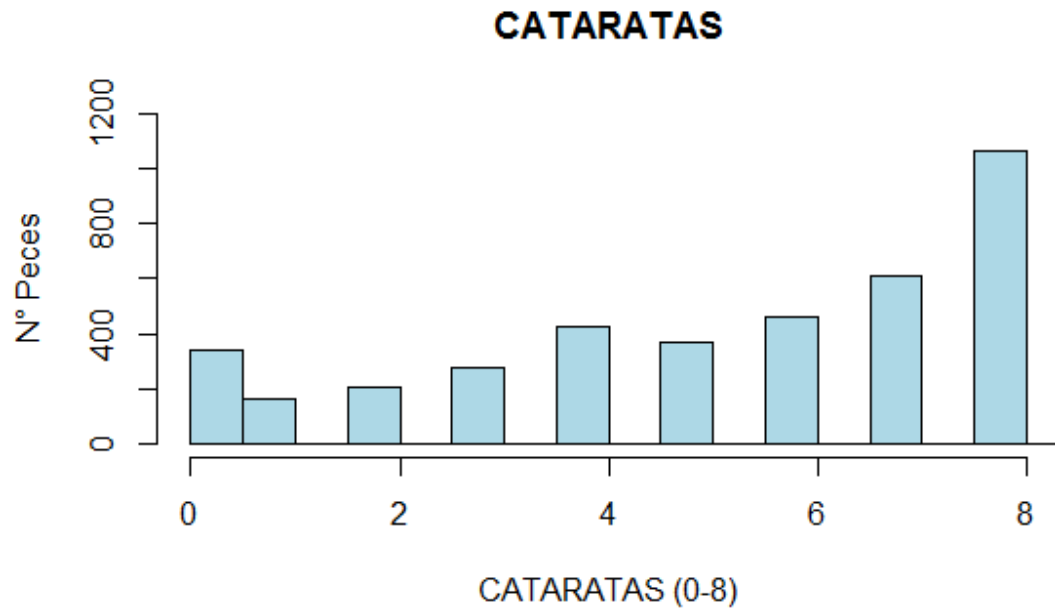


**Figura 40.** Relación entre color y variable cuantitativos (LONG, WFE, DHON, TRIM D, K , HG, DHON).

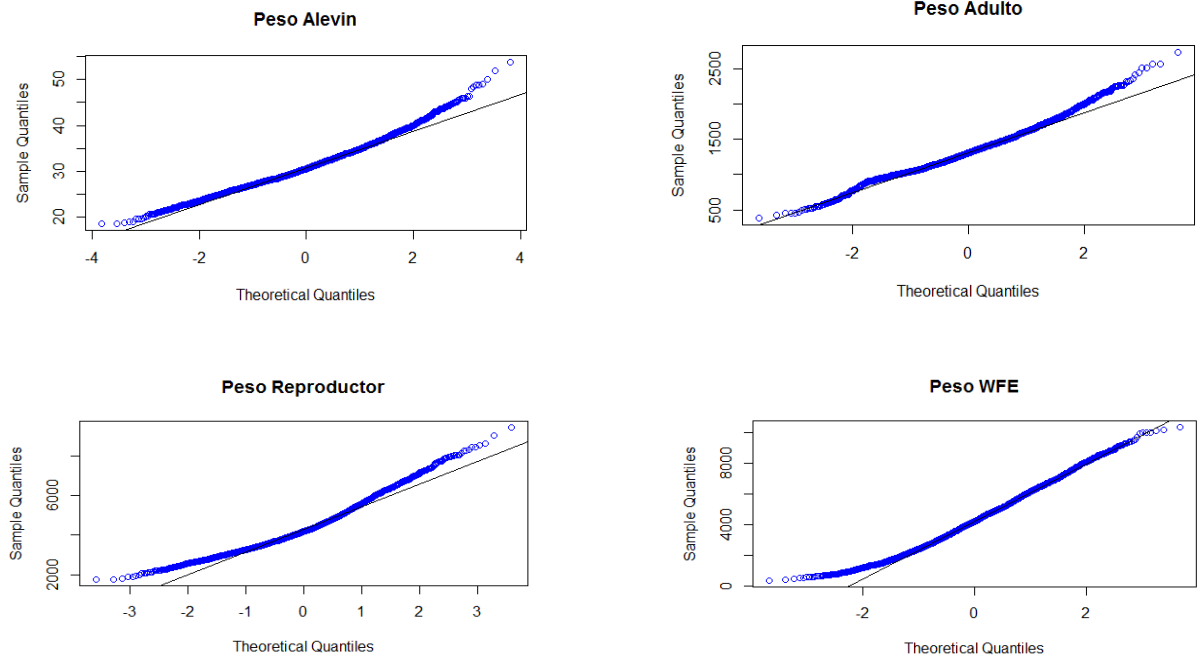




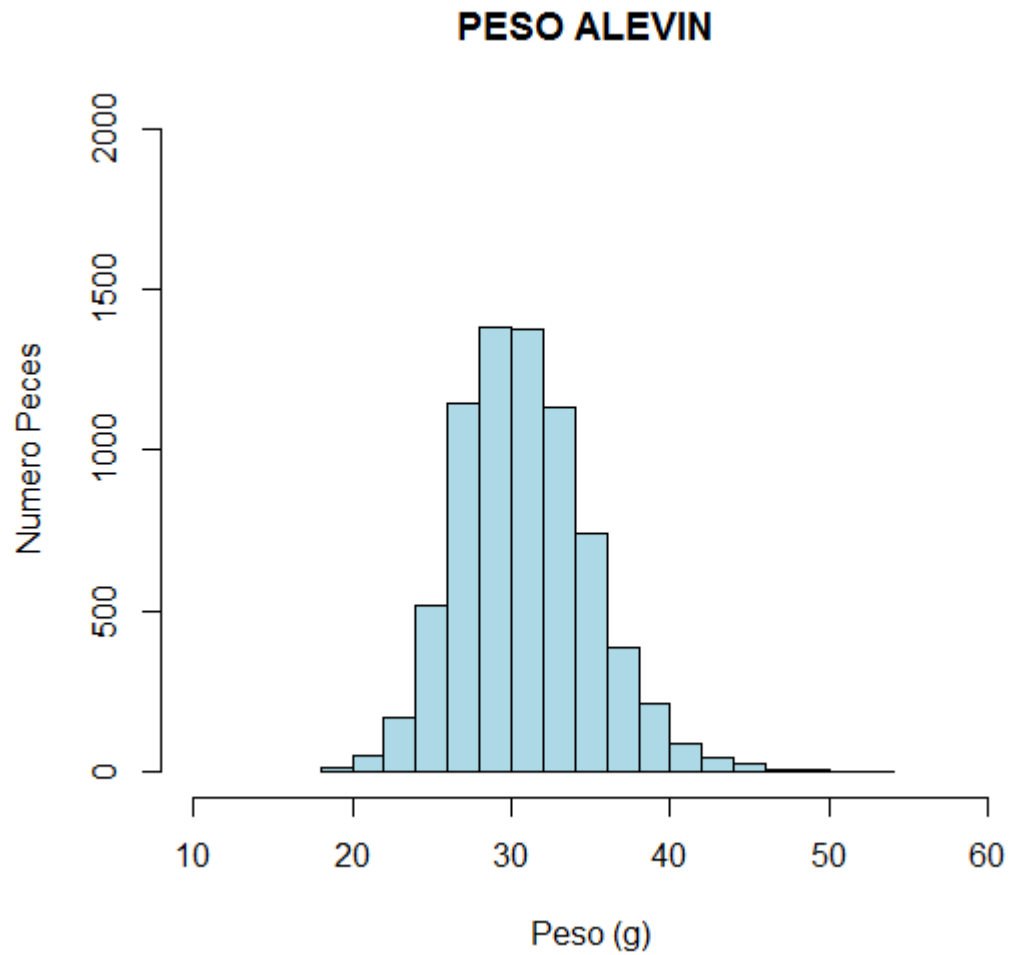
**Figura 41.** Relación entre el gapping, la jaula de cultivo y el mes de muestreo.



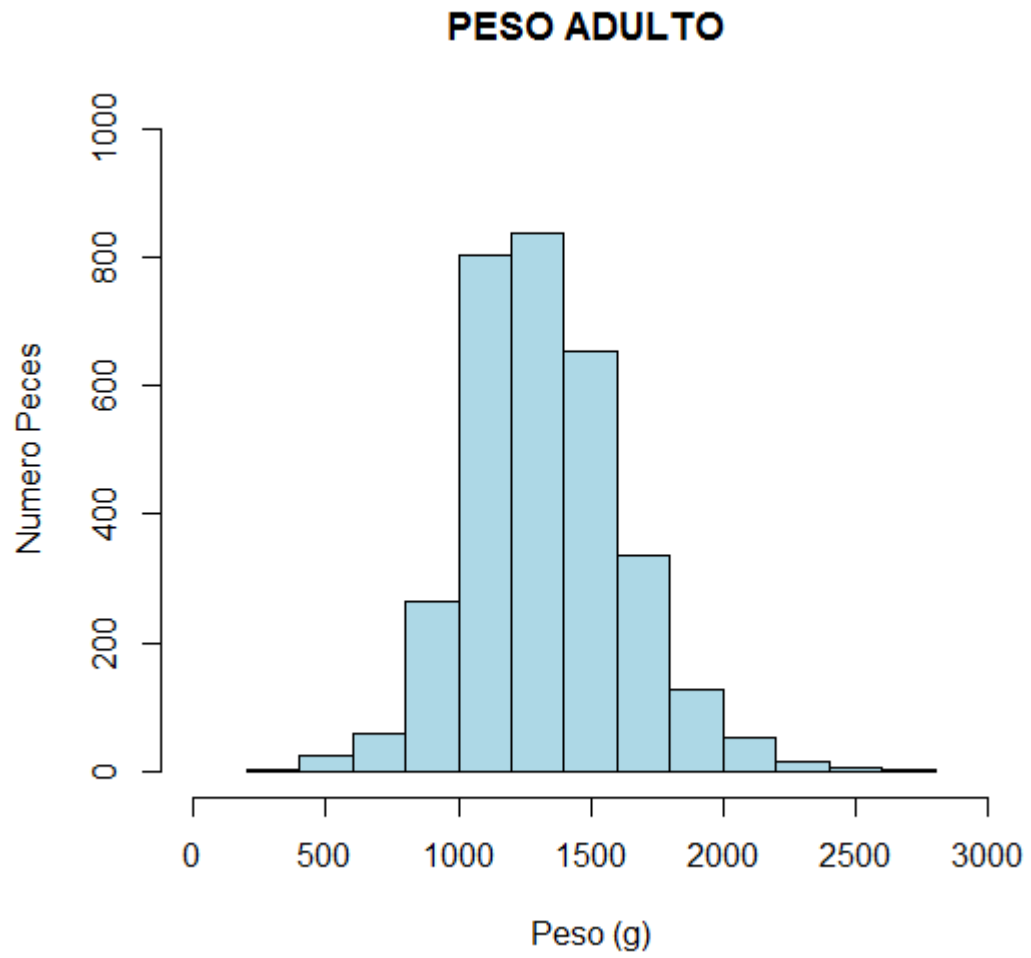
**Figura 42.** Niveles de Cataratas (0 a 8).



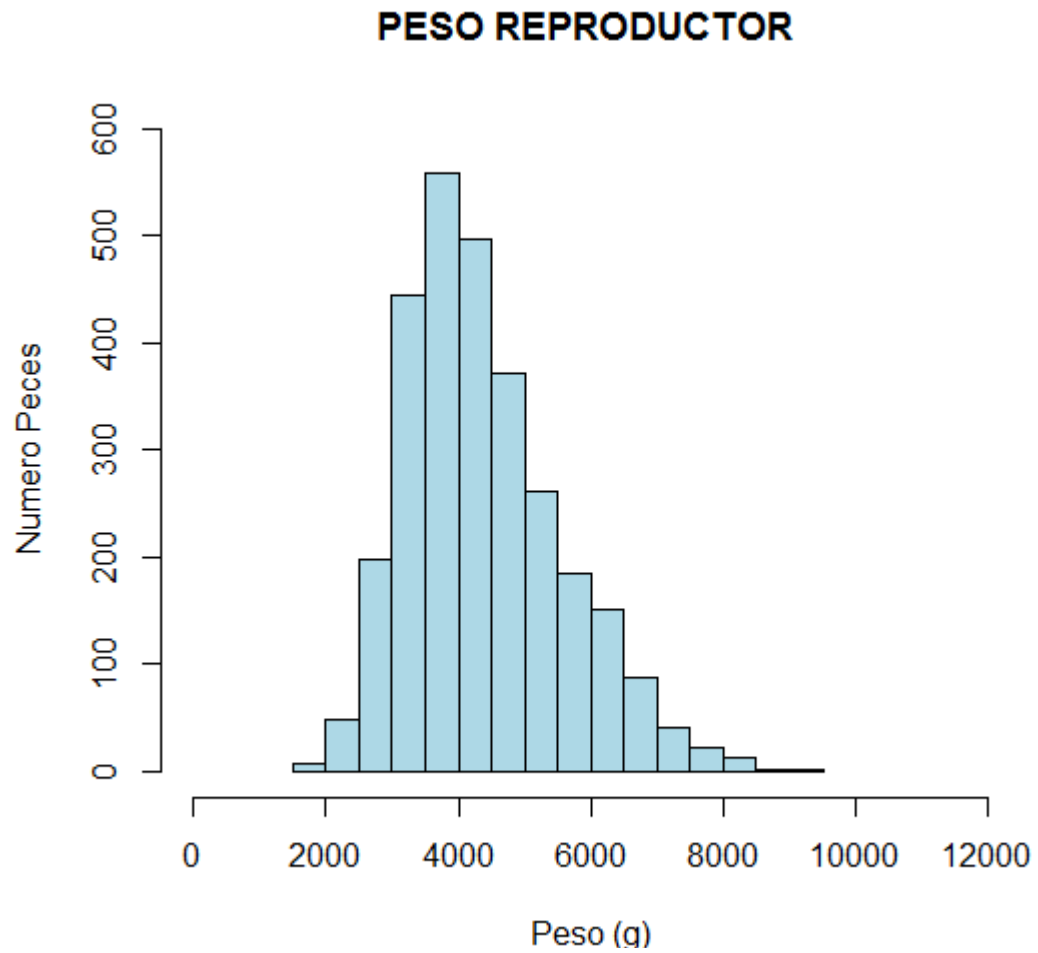
**Figura 43.** Test de normalidad gráfico Cuartil-Cuartil para registros de peso (PALEVIN, PADULTO, PREP Y PMAR).



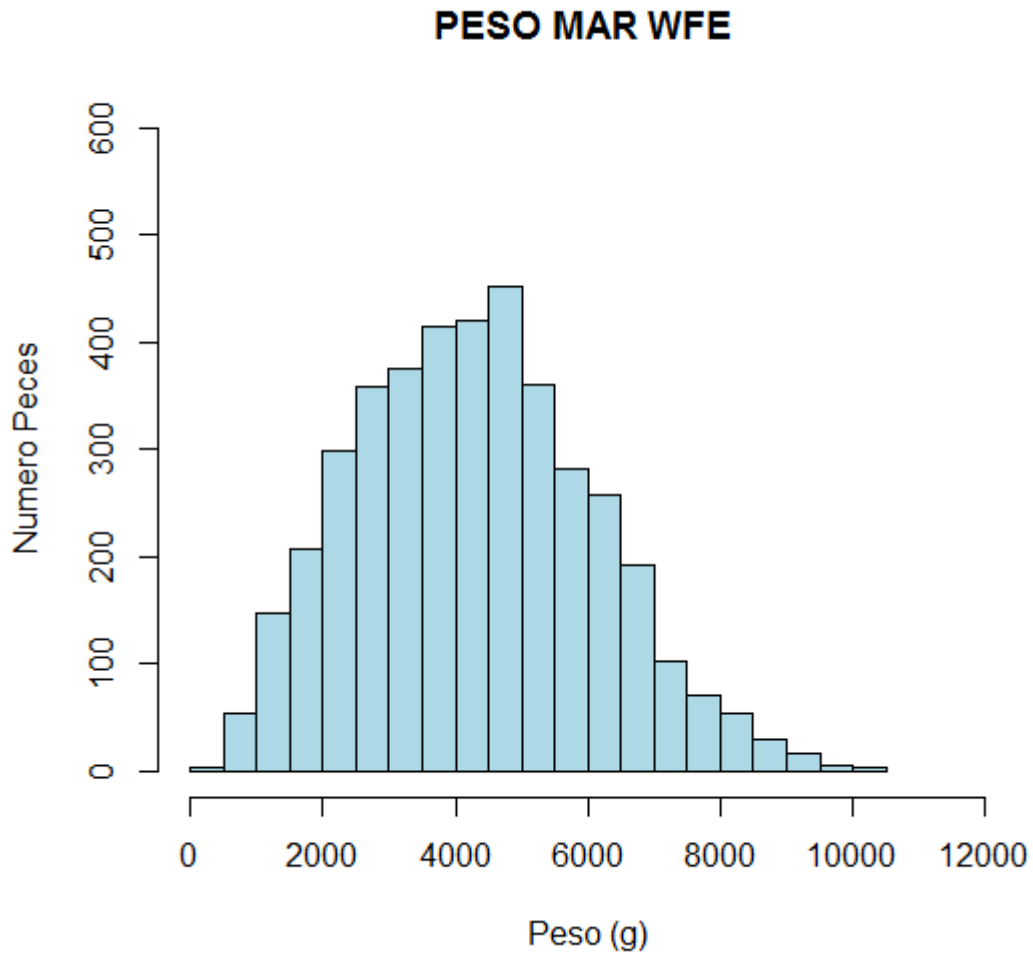
**Figura 44.** Distribución de frecuencia peso alevines post marcaje (PALEV) (n=7288;  $\bar{x}=31 \pm 4,1$  g).



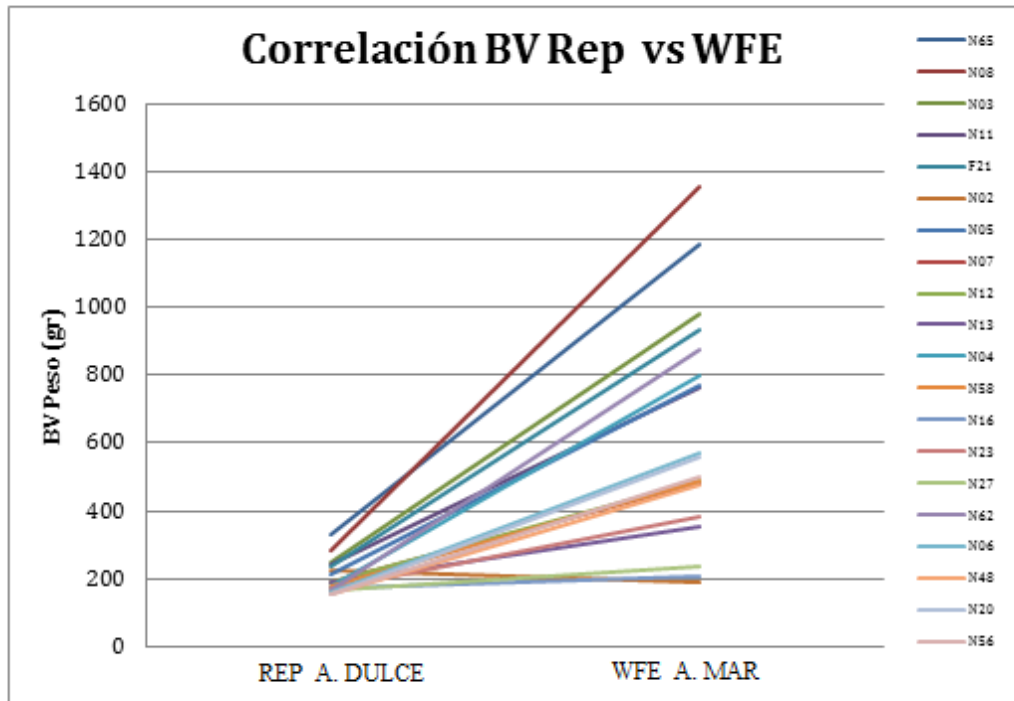
**Figura 45.** Distribución de frecuencia peso adulto (PADU) cultivados en agua dulce (PADU). (n=3184;  $x=1327 \pm 298$  g).



**Figura 46.** Distribución de frecuencia peso reproductores cultivados en agua dulce (PREP). (n=2890;  $\bar{x}=4384 \pm 1175$  g).

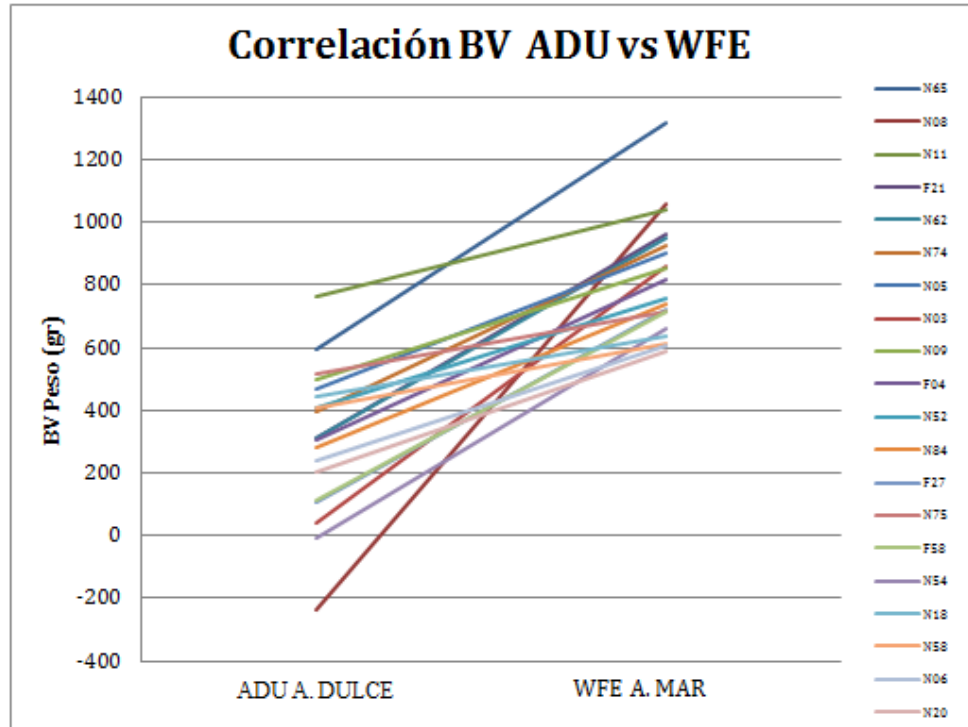


**Figura 47.** Distribución de frecuencia peso a la cosecha en peces cultivados en agua mar (PMAR). (n 4103=;  $x=4298 \pm 1775$  g).



**Figura 48.** Correlación del valor genético para el rasgo peso entre 20 familias cultivadas en agua dulce (Rep: Reproductores) y en el mar (WFE: Peso Cosecha).





**Figura 49.** Correlación del valor genético para el rasgo peso entre 20 familias cultivadas en agua dulce (Adu: Adulto) y en el mar (WFE: Peso Cosecha).