



Identificación Genética de salmones coho (*Oncorhynchus kisutch* Walbaum, 1792), mediante loci microsatélites para una correcta asignación a centros de cultivo.



Seminario de Título
Para obtener el título de Biólogo Marino.

Nombre: Natacha Torres Orias

Profesor Tutor: Dr. Ricardo Galleguillos

Fecha: diciembre 2010

RESUMEN

La acuicultura en Chile ha sido una de las fuentes más importantes de ingresos económicos para el país, posicionándose como el primer productor de truchas y el segundo productor de salmones a nivel mundial, sin embargo, existe gran evidencia de los impactos que produce la salmonicultura sobre los ecosistemas acuícolas, impactos ambientales que se han vistos incrementados con los escapes de salmónidos, destacándose tres graves riesgos: Hibridación entre especies, competencia y depredación sobre especies nativas y transmisión de enfermedades asociadas a los salmones de cultivo. Actualmente, no se dispone de un sistema de evaluación del efecto ecológico provocado en Chile, por lo que la utilización de marcadores genéticos, como microsatélites, podría ser un método para la asignación de los salmones escapados a su centro de cultivo.

Producto de la crisis sanitaria que afectó al Salmón del atlántico, el salmón *Oncorhynchus kisutch* surgió como una alternativa de cultivo masivo. El objetivo de esta investigación es desarrollar un método de asignación para salmones escapados (*O. kisutch*) a su respectivo centro de cultivo. Se analizaron 314 individuos correspondientes a cinco centros y dos campañas de muestreos del fiordo de Aysén, de los cuales se realizó aislamiento de ADN para la amplificación de siete loci Microsatélites heterólogos. Los resultados obtenidos evidenciaron una H_o entre 0,273 (OGO2) y 0,968 (ONEu2), con desviaciones al equilibrio de H-W significativas para: Centro 1 (Oneu2, Ocl8); Centro 2 (Oneu2, OMM1121); Centro 3 (Ogo2), Centro 4 (OMM1128, Oneu2, OMM1121), Centro 5 (OMM1128, Oneu2, Ocl8, OMM1121) Fiordo 1 (Oneu2, Ocl8), Fiordo 2 (OMM1128, Oneu2, Ogo2, Ogo1a, Ocl8, OMM1121, Oki1). Los valores de R_{st} revelaron estructuración genética entre las poblaciones analizadas, a excepción de los centros 1-2 centros 4-5; centro 3- fiordo 2 y fiordo 1-2 ($p > 0.05$). Los salmones escapados fueron asignados con un nivel de confianza de 99 a 100%, con asignación de un total de 40,1% de individuos encontrados en el fiordo, a sus respectivos centros de cultivo. Los salmones no asignados posiblemente son asilvestrados no muestreados o de centros no considerados en el presente estudio. Los resultados obtenidos serán una importante contribución al sistema de fiscalización y regularización de los escapes de salmones desde los centros de cultivo favoreciendo la conservación de sistemas acuícolas.