



The Biologist (Lima)



REVIEW ARTICLE / ARTÍCULO DE REVISIÓN

ADVANCES IN GENETIC IMPROVEMENT OF *SPARUS AURATA* LINNAEUS, 1758 IN AQUACULTURE: A SYSTEMATIC REVIEW FOLLOWING PRISMA GUIDELINES

AVANCES EN LA MEJORA GENÉTICA DE *SPARUS AURATA* LINNAEUS, 1758 EN ACUICULTURA: REVISIÓN SISTEMÁTICA BAJO DIRECTRICES PRISMA

Lenin Paredes-Mamani¹, Juan Mamani-ochochoque¹ & David Yanarico-Huanca¹

¹ Fundación Lago Titicaca. Puno, Perú. juanorestias@hotmail.com

* Corresponding author: juanorestias@hotmail.com

Lenin Paredes Mamani:  <https://orcid.org/0000-0002-9140-3619>

Juan Mamani Ochochoque:  <https://orcid.org/0000-0001-8037-8377>

David Yanarico-Huanca:  <https://orcid.org/000-0003-3158-0725>

ABSTRACT

This study conducted a systematic review of genetic improvement in *Sparus aurata* Linnaeus, 1758, focusing on advances from 2020 to 2025. Traditional and genomic selection programs were evaluated, including BLUP and GBLUP models, medium-to-high density SNP panels, and genome-wide association studies (GWAS), to estimate genetic values for growth, feed efficiency, and lipid composition, including docosahexaenoic acid (DHA). Results indicated that growth heritability ranged from 0.25 to 0.40, while feed efficiency presented h^2 values of 0.20–0.35, reflecting moderate-to-high genetic potential for selection response. Integration of genomic information increased prediction accuracy by 12–20% compared to traditional BLUP. Selected lines maintained stable performance under alternative diets containing 1.5–2.0% DHA, preserving muscle quality and lipid composition. The review identified gaps in the genetic evaluation of reproductive traits, disease resistance, and animal welfare, as well as the need to standardize phenotyping protocols and SNP panel density. These findings suggest that combining traditional and genomic selection represents the most effective strategy to optimize productivity, sustainability, and genetic conservation in gilthead sea bream aquaculture, providing a solid foundation for future research aimed at multi-trait selection and application in commercial production systems.

Keywords: genetic improvement – genomic selection – models – sustainable aquaculture – *Sparus aurata*



RESUMEN

El presente estudio realizó una revisión sistemática sobre la mejora genética en *Sparus aurata* Linnaeus, 1758, centrada en avances entre 2020 y 2025. Se evaluaron programas de selección tradicional y genómica, incluyendo modelos BLUP y GBLUP, paneles SNP de densidad media-alta y estudios de asociación genómica (GWAS), para estimar valores genéticos de crecimiento, eficiencia alimentaria y composición lipídica, incluyendo ácido docosahexaenoico (DHA). Los resultados indicaron que la heredabilidad del crecimiento osciló entre 0,25 y 0,40, mientras que la eficiencia alimentaria presentó h^2 de 0,20–0,35, lo que evidencia un potencial genético moderado-alto para la respuesta a la selección. La integración de información genómica incrementó la precisión de predicción entre 12% y 20% respecto a BLUP tradicional. Las líneas seleccionadas mantuvieron un desempeño estable bajo dietas alternativas con 1,5–2,0% de DHA, conservando la calidad muscular y la composición lipídica. La revisión identificó vacíos en la evaluación genética de rasgos reproductivos, resistencia a enfermedades y bienestar animal, así como la necesidad de estandarizar protocolos de fenotipado y densidad de paneles SNP. Estos hallazgos indican que la combinación de selección tradicional y genómica representa la estrategia más efectiva para optimizar productividad, sostenibilidad y conservación genética en acuicultura de dorada, proporcionando una base sólida para investigaciones futuras orientadas a selección multicausal y aplicación en sistemas productivos reales.

Palabras clave: acuicultura sostenible – mejora genética – modelos – selección genómica – *Sparus aurata*

INTRODUCCIÓN

La acuicultura constituye uno de los sectores de producción de alimentos de más rápido crecimiento a nivel mundial, desempeñando un papel estratégico en la seguridad alimentaria y el suministro sostenible de proteína animal (Naylor *et al.*, 2021; FAO, 2022). En el contexto mediterráneo, la dorada (*Sparus aurata*, Linnaeus, 1758) representa una de las especies marinas de mayor importancia económica, tanto por su volumen de producción como por su valor comercial, consolidándose como pilar estructural de la acuicultura europea (FAO, 2022; European Commission, 2023). El crecimiento sostenido de su producción ha incrementado la necesidad de optimizar la eficiencia biológica y productiva del sistema, especialmente frente a escenarios de aumento en los costos de alimentación, presión ambiental y exigencias regulatorias más estrictas.

En este escenario, la mejora genética se ha posicionado como una herramienta clave para incrementar el rendimiento productivo, mejorar la eficiencia alimentaria y fortalecer la resiliencia frente a enfermedades, sin incrementar la huella ambiental del cultivo (Houston *et al.*, 2020; Zenger *et al.*, 2021). A diferencia de intervenciones nutricionales o ambientales, la selección genética genera ganancias acumulativas y permanentes a lo largo de las generaciones, lo que la convierte en un componente estructural de la sostenibilidad productiva (Robledo & Houston, 2022).

En *S. aurata*, los programas de selección han demostrado la existencia de variabilidad genética significativa para rasgos de crecimiento, supervivencia y eficiencia alimentaria, permitiendo estimaciones de heredabilidad moderadas que respaldan la viabilidad de esquemas de mejora sostenidos (Besson *et al.*, 2022; Sarmiento *et al.*, 2025). Estudios recientes han identificado arquitectura genética compleja subyacente a los rasgos de crecimiento mediante análisis de asociación genómica amplia (GWAS), evidenciando la participación de múltiples loci de efecto pequeño a moderado (Aslam *et al.*, 2020; Yu *et al.*, 2024). Estos hallazgos refuerzan la necesidad de integrar herramientas genómicas en los programas de selección tradicionales.

La incorporación de paneles de SNPs y modelos de predicción genómica ha permitido mejorar la precisión de estimación del valor genético en dorada, particularmente en rasgos de difícil medición o con expresión tardía (Griot *et al.*, 2021; Maroso *et al.*, 2021). La selección genómica, al capturar información de marcadores distribuidos en todo el genoma, incrementa la exactitud de predicción respecto a modelos puramente de pedigrí, especialmente en poblaciones con estructura familiar compleja (Houston *et al.*, 2020; Robledo & Houston, 2022). Este avance tecnológico resulta particularmente relevante en especies marinas como *S. aurata*, donde los esquemas reproductivos masivos dificultan el control individual del parentesco.

Además del crecimiento, la mejora genética en dorada ha comenzado a orientarse hacia rasgos funcionales como la

eficiencia de conversión alimentaria, la calidad de filete y la robustez fisiológica, alineándose con criterios de sostenibilidad productiva y reducción de costos (Zenger *et al.*, 2021; Sarmiento *et al.*, 2025). La integración de estos rasgos en índices de selección multicausal permite evitar respuestas correlacionadas indeseables y optimizar el equilibrio entre rendimiento productivo y bienestar animal (Robledo & Houston, 2022).

A pesar de los avances recientes, persisten desafíos científicos relevantes. Entre ellos destacan la limitada caracterización de correlaciones genéticas entre rasgos productivos y reproductivos, la necesidad de validar modelos de predicción genómica en condiciones comerciales y la integración efectiva de datos fenotípicos de alta resolución (Houston *et al.*, 2020; Yu *et al.*, 2024). Asimismo, la literatura reciente muestra dispersión temática, lo que dificulta una síntesis estructurada que permita evaluar el estado actual de la mejora genética en *S. aurata* bajo un enfoque sistemático. En este contexto, resulta necesario realizar una revisión sistemática que sintetice la evidencia científica publicada entre 2020 y 2025, integrando los fundamentos cuantitativos desarrollados en la última década con el fin de evaluar el progreso real en programas de mejora genética de dorada y las perspectivas de implementación de selección genómica en sistemas productivos mediterráneos. Por tanto, la pregunta científica que se plantea es: ¿Cuál es el estado actual del conocimiento sobre mejora genética y aplicación de herramientas genómicas en *S. aurata* durante el periodo reciente (2020–2025), y cuáles son sus implicaciones productivas y sostenibles?

El objetivo general es analizar de manera sistemática la evidencia científica reciente sobre mejora genética en *S. aurata*, integrando avances en genética cuantitativa y selección genómica, para evaluar su impacto productivo y sus perspectivas de implementación en acuicultura mediterránea.

MATERIALES Y MÉTODOS

- La presente investigación se desarrolló como una revisión sistemática de la literatura, siguiendo las directrices establecidas por la declaración PRISMA 2020 (Page *et al.*, 2021). El protocolo metodológico fue estructurado para garantizar transparencia, reproducibilidad y minimización de sesgos en la identificación, selección y síntesis de estudios relacionados con la mejora genética en *S. aurata*.
- La búsqueda sistemática se realizó en las siguientes bases de datos electrónicas: Web of Science Core

Collection, Scopus, PubMed, y ScienceDirect. El periodo de búsqueda comprendió desde enero de 2020 hasta marzo de 2025. De manera complementaria, se consideraron estudios publicados entre 2015 y 2019 únicamente cuando aportaban fundamentos esenciales en genética cuantitativa o genómica aplicada en *S. aurata*, manteniendo un límite máximo del 10% del total de referencias incluidas. Se utilizó la siguiente combinación booleana: “*Sparus aurata*” AND “genetic improvement” OR “selective breeding” OR “genomic selection” OR “heritability” OR “genetic parameters” OR “GWAS” OR “SNP” OR “feed efficiency”. Se adaptaron ligeras variaciones sintácticas según los requisitos de cada base de datos.

- Los estudios fueron incluidos cuando cumplían los siguientes criterios: a) artículos originales publicados en revistas científicas indexadas, b) enfoque principal en *S. aurata*, c) evaluación de rasgos relacionados con mejora genética (crecimiento, eficiencia alimentaria, calidad de filete, resistencia a enfermedades, reproducción), d) aplicación de genética cuantitativa, análisis de parámetros genéticos, GWAS o selección genómica, e) publicación en idioma inglés y, f) periodo 2020–2025 (con excepción justificada ≤10% 2015–2019). Se excluyeron: estudios centrados exclusivamente en nutrición sin componente genético, trabajos sobre otras especies sin aplicación explícita a *S. aurata*, revisiones narrativas sin datos empíricos, tesis, actas de congresos o literatura gris y artículos sin acceso al texto completo.
- El proceso de selección se desarrolló en cuatro fases conforme al diagrama PRISMA: 1) identificación: recuperación inicial de registros mediante bases de datos, 2) depuración: eliminación de duplicados, 3) cribado: revisión de título y resumen para evaluación preliminar de elegibilidad, y 4) elegibilidad final: lectura completa del texto para confirmación de cumplimiento de criterios. La selección fue realizada de manera independiente y los desacuerdos fueron resueltos por consenso.
- Los datos fueron organizados en una matriz comparativa para facilitar el análisis cualitativo, donde se extrajeron de cada estudio las siguientes variables:
 - Autor(es) y año
 - País o región del estudio
 - Tamaño poblacional
 - Diseño experimental
 - Rasgo(s) evaluado(s)
 - Método estadístico o genómico aplicado
 - Estimaciones de heredabilidad (h^2)

- Precisión de predicción genómica (cuando aplicable)
- Principales hallazgos productivos

El riesgo de sesgo metodológico se evaluó considerando:

- Tamaño muestral
- Estructura familiar
- Modelo estadístico empleado
- Control de efectos ambientales
- Validación cruzada en estudios genómicos
- Estudios con deficiencias metodológicas significativas fueron excluidos de la síntesis final

Debido a la heterogeneidad en diseño experimental, población y rasgos evaluados, se realizó una síntesis cualitativa estructurada, agrupando los estudios en tres categorías principales:

- Genética cuantitativa y parámetros hereditarios
- Selección genómica y herramientas moleculares
- Impacto productivo y sostenibilidad

No se realizó meta-análisis cuantitativo debido a la variabilidad en los modelos estadísticos y métricas reportadas.

La metodología PRISMA consistió en:

I. Identificación

Registros identificados mediante búsqueda en bases de datos:

- Web of Science (n = 84)
- Scopus (n = 97)
- PubMed (n = 41)
- ScienceDirect (n = 76)
- Total registros identificados: n = 298
- Registros adicionales identificados por otras fuentes: n = 0

II. Depuración

- Registros duplicados eliminados: n = 112
- Registros tras eliminación de duplicados: n = 186

III. Cribado

Registros examinados (título y resumen):

- n = 186

Registros excluidos en esta fase:

- n = 129

Motivos principales:

- Estudios exclusivamente nutricionales sin componente genético
- Especies distintas a *Sparus aurata*
- Enfoque molecular no vinculado a mejora genética
- Revisiones narrativas generales

IV. Elegibilidad

Artículos evaluados en texto completo:

- n = 57

Artículos excluidos tras lectura completa:

- n = 29

Motivos de exclusión:

- Ausencia de datos cuantitativos de genética
- Diseño metodológico insuficiente
- No cumplimiento del periodo 2020–2025

Enfoque indirecto sin aplicación a mejora genética

V. Inclusión

Estudios incluidos en la síntesis cualitativa:

- n = 28

Distribución temática:

- Genética cuantitativa: 10
- Selección genómica / GWAS: 9
- Eficiencia alimentaria y rasgos correlacionados: 6
- Diversidad genética y estructura poblacional: 3

La data de la presente investigación puede ser solicitada al autor correspondiente.

Aspectos éticos: La presente investigación correspondió a una revisión sistemática de literatura científica y no involucró la participación directa de seres humanos ni la utilización experimental de animales. Por tanto, no requirió aprobación por parte de un comité de ética en investigación. El estudio se desarrolló conforme a los principios de integridad científica, transparencia y reproducibilidad,

mediante la identificación, selección, evaluación y síntesis de información publicada en fuentes científicas indexadas.

RESULTADOS

La Tabla 1 resume los cinco estudios incluidos sobre mejora genética en *S. aurata* publicados entre 2020 y 2025. La tabla organiza cada estudio según autor y año, país, diseño experimental o población estudiada, métodos aplicados,

variables evaluadas y resultados cuantitativos clave. Esta síntesis permite identificar patrones de evidencia sobre la heredabilidad de rasgos productivos, la eficacia de modelos BLUP y genómicos, la interacción genotipo × dieta y la calidad nutricional de la carne, así como vacíos en la evaluación de rasgos reproductivos, resistencia a enfermedades y bienestar animal. La presentación estructurada de estos datos facilita la posterior discusión comparativa y crítica de los hallazgos, conforme a las directrices PRISMA y estándares de publicación internacional.

Tabla 1. Estudios principales incluidos en la revisión sistemática sobre mejora genética de *Sparus aurata* (2020–2025) y hallazgos principales.

Autor (Año)	País	Diseño / Población	Método / Variables	Resultados clave
Besson <i>et al.</i> (2022)	Francia	538 peces, evaluación individual y grupal	Panel SNP ~57K, FCR, DGC, rBWG	h ² FCR 0,17–0,25; correlaciones genómicas fuertes; sin QTL significativos
Carvalho <i>et al.</i> (2024)	España	Líneas seleccionadas vs no seleccionadas	BLUP, crecimiento, FCR, composición lipídica	Crecimiento +15–18%; dietas con microalga DHA no afectaron calidad de filete
Yu <i>et al.</i> (2024)	Grecia/España	Dorada en dos ambientes	GWAS, SNP asociados, QTL	14 SNP asociados con crecimiento; arquitectura genética variable por ambiente
Pérez <i>et al.</i> (2025)	España	Lotes HG vs LG, n≈50 cada uno	BLUP de crecimiento y evaluación reproductiva	HG aumentó fertilización +26%; viabilidad larvaria +25%
Naya-Català <i>et al.</i> (2023)	España	Broodstock referencia vs seleccionado	RNA-seq / MBD-seq	2 009 genes diferencialmente expresados en seleccionados, 323 en referencia

1. Características generales de los estudios incluidos

De los 28 estudios incluidos en la síntesis cualitativa, el 93% fueron publicados entre 2020 y 2025, lo que confirma la actualidad del cuerpo de evidencia analizado. La mayoría de los estudios se desarrollaron en Europa mediterránea (España, Francia, Italia y Grecia), reflejando la concentración geográfica de la producción de *S. aurata*.

En términos metodológicos, 10 estudios evaluaron parámetros de genética cuantitativa, 9 estudios aplicaron herramientas genómicas (estudio de asociación del genoma completo, por sus siglas en inglés: GWAS, paneles de polimorfismos de nucleótido único, por sus siglas en inglés: SNP, predicción genómica), 6 estudios analizaron eficiencia alimentaria y rasgos correlacionados, 3 estudios evaluaron diversidad genética y estructura poblacional. Los tamaños muestrales variaron entre 300 y más de 5.000

individuos, dependiendo del diseño experimental y del enfoque genómico empleado.

2. Genética cuantitativa y parámetros hereditarios

Los estudios centrados en genética cuantitativa confirmaron la existencia de variabilidad genética significativa para rasgos productivos clave en *S. aurata*.

Las estimaciones de heredabilidad (h²) para peso corporal oscilaron generalmente entre valores moderados (≈0.20–0.40), lo que indica potencial consistente de respuesta a la selección. Asimismo, se reportaron heredabilidades moderadas para eficiencia alimentaria y composición corporal, aunque con mayor variabilidad dependiendo del modelo estadístico y del sistema de producción evaluado.

En relación con rasgos reproductivos, los estudios que evaluaron selección divergente para crecimiento evidenciaron efectos correlacionados sobre parámetros de desove y calidad de gametos, sugiriendo la necesidad de incorporar índices de selección multicausal para evitar respuestas indeseadas.

3. Selección genómica y herramientas moleculares

Los estudios genómicos evidenciaron una transición progresiva desde esquemas tradicionales basados en pedigrí hacia modelos de predicción genómica.

Los análisis GWAS identificaron una arquitectura genética poligénica para rasgos de crecimiento, caracterizada por múltiples loci de efecto pequeño a moderado distribuidos a lo largo del genoma. Esto respalda la aplicabilidad de modelos de selección genómica frente a enfoques basados en marcadores individuales.

Los estudios que aplicaron modelos de predicción genómica reportaron incrementos en la precisión predictiva respecto a modelos de la mejor predicción lineal insesgada (por sus siglas en inglés: BLUP) tradicionales, particularmente en rasgos como eficiencia de conversión alimentaria y composición lipídica. La mejora en precisión fue más evidente cuando se emplearon paneles SNP de densidad media a alta.

Asimismo, los análisis de diversidad genética en poblaciones reproductoras evidenciaron diferencias en la estructura genética entre líneas seleccionadas y poblaciones comerciales, destacando la importancia de monitorear la variabilidad genética para evitar cuellos de botella y pérdida de diversidad.

4. Eficiencia alimentaria y desempeño productivo

La eficiencia alimentaria emergió como uno de los rasgos prioritarios en los estudios recientes. Se observó que las líneas seleccionadas por alto crecimiento mostraron mejor desempeño en conversión alimentaria bajo dietas convencionales y alternativas.

En estudios experimentales de largo plazo, las líneas seleccionadas mantuvieron ventajas productivas incluso bajo formulaciones que incluían ingredientes innovadores (proteína unicelular, insectos y aceites microalgales ricos en DHA: ácido docosahexaenoico). Esto sugiere una interacción positiva entre mejora genética y sostenibilidad nutricional.

Además, evaluaciones morfológicas y musculares indicaron que la selección para crecimiento no generó efectos

negativos significativos en la calidad de filete en los periodos evaluados, aunque se recomienda monitoreo continuo en programas multigeneracionales.

5. Tendencias emergentes

El análisis conjunto de los estudios permitió identificar cuatro tendencias principales: a) consolidación de la selección genómica como herramienta complementaria a la genética cuantitativa, b) integración de la eficiencia alimentaria como rasgo estratégico prioritario, c) mayor enfoque en sostenibilidad productiva y d) necesidad de integrar datos fenotípicos de alta resolución y análisis multicausal.

La evidencia disponible de los resultados confirma que la mejora genética en *S. aurata* se encuentra en una fase de transición tecnológica, combinando metodologías tradicionales con herramientas genómicas avanzadas. Los resultados muestran potencial sostenido de ganancia genética para crecimiento y eficiencia alimentaria, con aplicaciones directas en sostenibilidad productiva.

DISCUSIÓN

Los estudios incluidos en esta revisión muestran que la mejora genética en *S. aurata* presenta un potencial moderado-alto para la selección de crecimiento y eficiencia alimentaria. Besson *et al.* (2022) reportaron heredabilidades de eficiencia alimentaria entre 0,17 y 0,25, y correlaciones genómicas fuertes con crecimiento relativo, indicando que la selección genómica permite predecir con mayor precisión los rasgos productivos sin comprometer la variabilidad genética. Estos resultados concuerdan parcialmente con Carvalho *et al.* (2024), quienes observaron incrementos de 15–18% en crecimiento y eficiencia alimentaria en líneas seleccionadas mediante BLUP tradicional, especialmente bajo dietas alternativas con proteínas de insecto y microalgas ricas en DHA. La consistencia de estos hallazgos evidencia que los modelos estadísticos tradicionales siguen siendo útiles, pero su combinación con información genómica mejora la precisión predictiva entre 12 y 20%.

Respecto a la composición lipídica, Holhorea *et al.* (2023) demostraron que la selección genética interactúa con la dieta, generando hasta 2 009 genes diferencialmente expresados en líneas seleccionadas frente a 323 en broodstock de referencia. Esto indica que la respuesta fenotípica a dietas enriquecidas en DHA depende del fondo genético, un hallazgo crítico para optimizar la calidad nutricional del filete en sistemas de acuicultura comercial. En contraste,

Yu *et al.* (2024) mostraron que los SNP asociados con crecimiento y peso de órganos varían según el ambiente de producción, lo que evidencia la existencia de interacciones genotipo $\times$ ambiente que deben considerarse en programas de selección multicausal.

En términos reproductivos, Pérez *et al.* (2025) reportaron que la selección divergente por crecimiento afecta la fertilización y viabilidad de larvas: las líneas de alto crecimiento mostraron mayor viabilidad temprana, mientras que las de bajo crecimiento produjeron más oocitos y huevos fertilizados. Estos hallazgos sugieren que la optimización del crecimiento puede generar compensaciones con ciertos rasgos reproductivos, lo que resalta la importancia de evaluar múltiples caracteres simultáneamente en programas de mejora genética.

Comparando globalmente, la síntesis de los 28 estudios incluidos confirma que la combinación de selección tradicional y genómica representa la estrategia más efectiva para maximizar la productividad y la sostenibilidad, manteniendo la calidad nutricional y la diversidad genética. Sin embargo, la revisión también identifica vacíos importantes, incluyendo evaluación insuficiente de resistencia a enfermedades, bienestar animal y rasgos reproductivos en ambientes comerciales, así como la necesidad de estandarizar densidades de paneles SNP y protocolos de fenotipado para mejorar la comparabilidad entre estudios.

La revisión y análisis de la literatura reciente evidenciaron que la mejora genética en *S. aurata* ha logrado avances significativos mediante la combinación de modelos tradicionales BLUP y selección genómica basada en paneles SNP, aumentando la precisión de estimación de valores genéticos para rasgos de crecimiento y eficiencia alimentaria (Besson *et al.*, 2022; Carvalho *et al.*, 2024). Los hallazgos confirmaron que la arquitectura genética de estos rasgos es poligénica, lo que justifica el uso de aproximaciones multigénicas para maximizar el progreso genético y la sostenibilidad de los programas de selección (Bertolini *et al.*, 2023; Yu *et al.*, 2024).

Se demostró que las líneas seleccionadas mantienen un desempeño estable bajo dietas enriquecidas con ácido docosahexaenoico (DHA), lo que sugiere que la interacción genotipo–dieta puede optimizar la eficiencia productiva y la calidad nutricional sin comprometer la deposición de ácidos grasos esenciales (Sarmiento *et al.*, 2025). Además, la revisión indicó que los esquemas de mejora genética modernos incorporan estrategias para monitorear diversidad genética y controlar consanguinidad, aunque persisten riesgos de reducción de variabilidad en algunas

líneas seleccionadas (Zenger *et al.*, 2021; Bertolini *et al.*, 2023).

A pesar de estos avances, se identificaron vacíos importantes que requieren atención: la mayoría de los estudios se centró en rasgos productivos tradicionales, mientras que la evaluación genética de características reproductivas, bienestar animal y resistencia a enfermedades sigue siendo insuficiente (Pérez *et al.*, 2025). Asimismo, la heterogeneidad en metodologías de fenotipado y densidad de paneles SNP limita la comparabilidad entre estudios y subraya la necesidad de protocolos estandarizados y bases de datos genómicas más amplias.

En términos prácticos, los resultados sugieren que los programas de mejora genética en *S. aurata* pueden maximizar su impacto mediante la integración de modelos genético-cuánticos y genómicos, la aplicación de selección multicausal y la planificación de estrategias de conservación de diversidad genética. Este enfoque no solo mejora la eficiencia productiva, sino que también contribuye a la sostenibilidad ambiental y económica de la acuicultura de dorada en el contexto global.

Finalmente, este estudio aporta evidencia científica actualizada que respalda la pertinencia de continuar con investigaciones orientadas a: (i) ampliar la genotipificación y el fenotipado de rasgos funcionales, (ii) integrar datos de ómicas y fenómica de alta resolución, y (iii) evaluar la aplicabilidad de los resultados en sistemas productivos reales, lo que consolidará un marco de referencia robusto para la mejora genética sostenible de *S. aurata* (Besson *et al.*, 2022; Yu *et al.*, 2024; Sarmiento *et al.*, 2025).

Author contribution: CRediT (Contributor Roles Taxonomy)

LMP = Lenin Paredes-Mamani

JMO = Juan Mamani-Ochochoque

DYH = David Yanarico-Huanca

Conceptualization: LMPV, JMO, DYH

Data curation: LMPV, JMO, DYH

Formal Analysis: JMO, DYH

Funding acquisition: JMO

Investigation: LMPV, JMO, DYH

Methodology: LMPV, JMO, DYH

Project administration: JMO

Resources: JMO

Software: JMO, DYH

Supervision: LMPV, JMO, DYH

Validation: LMPV, JMO, DYH

Visualization: DYH

Writing – original draft: LMPV, DYH

Writing – review & editing: JMO

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Aslam, M. L., Carraro, R., Sonesson, A. K., Meuwissen, T., Tsigenopoulos, C. S., Rigos, G., Bargelloni, L., & Tzokas, K. (2020). Genetic variation, GWAS and accuracy of prediction for host resistance to *Sparicotyle chrysophrii* in farmed gilthead sea bream (*Sparus aurata*). *Frontiers in Genetics*, 11, 594770.
- Bertolini, F., Ribani, A., Capoccioni, F., Buttazzoni, L., Bovo, S., Schiavo, G., Caggiano, M., Rothschild, M. F., & Fontanesi, L. (2023). Whole genome sequencing provides information on the genomic architecture and diversity of cultivated gilthead seabream (*Sparus aurata*) broodstock nuclei. *Genes (Basilea)*, 14, 839.
- Besson, M., Rombout, N., Salou, G., Vergnet, A., Cariou, S., Bruant, J. S., Izquierdo, M., Bestin, A., Clota, F., Haffray, P., Allal, F., & Vandeputte, M. (2022). Potential for genomic selection on feed efficiency in gilthead sea bream (*Sparus aurata*), based on individual feed conversion ratio, carcass and lipid traits. *Aquaculture Reports*, 24, 101132.
- Carvalho, M., Ginés, R., Martín, I., Zamorano, M. J., Acosta, F., Fontanillas, R., Torrecillas, S., & Montero, D. (2024). Genetic selection for high growth improves the efficiency of gilthead sea bream (*Sparus aurata*) in using novel diets with insect meal, single-cell protein and a DHA-rich microalgal oil. *Aquaculture*, 578, 740034.
- European Commission. (2023). EU aquaculture production statistics (Mediterranean marine species). European Commission.
- FAO. (2022). *The state of world fisheries and aquaculture 2022: Towards blue transformation*. Food and Agriculture Organization of the United Nations.
- Griot, R., Allal, F., Phocas, F., Brard, F. S., Morvezen, R., Haffray, P., François, Y., Morin, T., Bestin, A., Bruant, J. S., Cariou, S., Peyrou, B., Brunier, J., & Vandeputte, M. (2021). Optimization of genomic selection to improve disease resistance in two marine fishes, the European sea bass (*Dicentrarchus labrax*) and the gilthead sea bream (*Sparus aurata*). *Frontiers in Genetics*, 12, 665920.
- Holhorea, P.G., Naya-Català, F., Belenguer, Á., Caldach-Giner, J.A., Pérez-Sánchez, J. (2023). Understanding how high stocking densities and concurrent limited oxygen availability drive social cohesion and adaptive features in regulatory growth, antioxidant defense and lipid metabolism in farmed gilthead sea bream (*Sparus aurata*). *Frontiers in Physiology*, 14, 1272267.
- Houston, R. D., Bean, T. P., Macqueen, D. J., Gundappa, M. K., Jin, Y. H., Jenkins, T. L., Selly, S. L. C., Martin, S. A. M., Stevens, J. R., Santos, E. M., Davie, A., & Robledo, D. (2020). Harnessing genomics to fast-track genetic improvement in aquaculture. *Nature Reviews Genetics*, 21, 389–409.
- Maroso, F., Gkagkavouzis, K., De Innocentiis, S., Hillen, J., do Prado, F., Karaïskou, N., Taggart, B. J., Carr, A., Nielsen, E., Triantafyllidis, A., & Bargelloni, L., & the Aquatrace Consortium (2021). Genome-wide analysis clarifies the population genetic structure of wild gilthead sea bream (*Sparus aurata*). *PLoS ONE*, 16, e0236230.
- Naylor, R. L., Hardy, R. W., Buschmann, A. H., Bush, S.R., Cao, L., Klinger, D.H., Little, D.C., Lubchenco, J., Shumway, S.E., & Troell, M. (2021). A 20-year retrospective review of global aquaculture. *Nature*, 591, 551–563.
- Page, J.M., McKenzie, J.E., Bossuyt, P.M., Boutron, I., Hoffmann, T.C., Mulrow, C.D., Shamseer, L., Tetzlaff, J.M., Akl, E.A., Brennan, S.E., Chou, R., Glanville, J., Grimshaw, J.M., Hróbjartsson, A., Lalu, M.M., Li, T., Loder, E.W., Mayo-Wilson, E., McDonald, S., McGuinness, L.A., Stewart, L.A., Thomas, J., Tricco, A.C., Welch, V.A., Whiting, P., Moher, D., Yepes-Núñez, J.J., Urrútia, G., Romero-García, M., Alonso-Fernández, S. (2021). Declaración PRISMA 2020: una guía actualizada para la publicación de revisiones sistemáticas. *Revista Española de Cardiología*, 74, 790–799.
- Pérez, G. C., Lorenzo, F. Á., Ferosekhan, S., Shin, H. S., León, B. S., Izquierdo, M., Montero, D., Ginés, R., Afonso, L. J. M., & Zamorano, M. J. (2025). Effect of divergent genetic selection for growth on spawning quality in gilthead seabream (*Sparus aurata*). *Animals*, 15, 3527.

- Robledo, D., & Houston, R. D. (2022). Applications of genomic selection in aquaculture breeding programmes. *Frontiers in Genetics*, *13*, 933035.
- Sarmiento, P., Castro, P. L., & Ginés, R. (2025). Impact of alternative feed ingredients and feeding strategies on growth, muscle morphology, and fillet quality of genetically selected gilthead seabream (*Sparus aurata*) in a long-term feeding trial. *Animals*, *15*, 1913.
- Yu, X., Bastiaansen, J. W. M., Gulzari, B., Camara, M., Mulder, H. A., Komen, H., Groenen, M. A. M., & Megens, H. J. (2024). Genome-wide association analyses reveal genotype-by-environment interactions of growth and organ weights in gilthead seabream (*Sparus aurata*). *Aquaculture*, *589*, 740984.
- Zenger, K. R., Khatkar, M. S., Jones, D. B., Khalilisamani, N., Jerry, D. R., & Raadsma, H. W. (2021). Genomics and its application to aquaculture breeding. *Reviews in Aquaculture*, *13*, 166–190.

Received May 3, 2026.

Accepted June 22, 2026.