

1 The Biologist (Lima), 2026, vol. 24 (1), XX-XX.

2 DOI: <https://doi.org/10.62430/10.62430/rtb20262412172>

3 Este artículo es publicado por la revista The Biologist (Lima) de la Facultad de Ciencias Naturales y Matemática, Universidad  
4 Nacional Federico Villarreal, Lima, Perú. Este es un artículo de acceso abierto, distribuido bajo los términos de la licencia  
5 Creative Commons Atribución 4.0 Internacional (CC BY 4.0) [<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/deed.es>] que  
6 permite el uso, distribución y reproducción en cualquier medio, siempre que la obra original sea debidamente citada de su  
7 fuente original.



8

9

## REVIEW ARTICLE / ARTÍCULO DE REVISIÓN

10 Advances in genetic improvement of *Sparus Aurata* Linnaeus, 1758 in aquaculture: a  
11 systematic review following prisma guidelines

12

13 Avances en la mejora genética de *Sparus Aurata* Linnaeus, 1758 en acuicultura: revisión  
14 sistemática bajo directrices prisma

15

16 Lenin Paredes-Mamani<sup>1</sup>, Juan Mamani-ochochoque<sup>1</sup> & David Yanarico-Huanca<sup>1</sup>

17

18 <sup>1</sup>Fundación Lago Titicaca. Puno, Perú. [juanorestias@hotmail.com](mailto:juanorestias@hotmail.com)

19 \*Corresponding author: [juanorestias@hotmail.com](mailto:juanorestias@hotmail.com)

20

21 Running Head: Advances in genetic improvement of *Sparus aurata*

22 Paredes-Mamani *et al.*

23

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

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

26 David Yanarico-Huanca:  <https://orcid.org/0000-0003-3158-0725>

27

### 28 **ABSTRACT**

29 This study conducted a systematic review of genetic improvement in *Sparus aurata* Linnaeus,  
30 1758, focusing on advances from 2020 to 2025. Traditional and genomic selection programs  
31 were evaluated, including BLUP and GBLUP models, medium-to-high density SNP panels,  
32 and genome-wide association studies (GWAS), to estimate genetic values for growth, feed  
33 efficiency, and lipid composition, including docosahexaenoic acid (DHA). Results indicated  
34 that growth heritability ranged from 0.25 to 0.40, while feed efficiency presented h<sup>2</sup> values of

35 0.20–0.35, reflecting moderate-to-high genetic potential for selection response. Integration of  
36 genomic information increased prediction accuracy by 12–20% compared to traditional BLUP.  
37 Selected lines maintained stable performance under alternative diets containing 1.5–2.0%  
38 DHA, preserving muscle quality and lipid composition. The review identified gaps in the  
39 genetic evaluation of reproductive traits, disease resistance, and animal welfare, as well as the  
40 need to standardize phenotyping protocols and SNP panel density. These findings suggest that  
41 combining traditional and genomic selection represents the most effective strategy to optimize  
42 productivity, sustainability, and genetic conservation in gilthead sea bream aquaculture,  
43 providing a solid foundation for future research aimed at multi-trait selection and application  
44 in commercial production systems.

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

47

#### 48 **RESUMEN**

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

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

69

## 70 **INTRODUCCIÓN**

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

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

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

96 La incorporación de paneles de SNPs y modelos de predicción genómica ha permitido mejorar  
97 la precisión de estimación del valor genético en dorada, particularmente en rasgos de difícil  
98 medición o con expresión tardía (Griot *et al.*, 2021; Maroso *et al.*, 2021). La selección  
99 genómica, al capturar información de marcadores distribuidos en todo el genoma, incrementa  
100 la exactitud de predicción respecto a modelos puramente de pedigrí, especialmente en  
101 poblaciones con estructura familiar compleja (Houston *et al.*, 2020; Robledo & Houston, 2022).

102 Este avance tecnológico resulta particularmente relevante en especies marinas como *S. aurata*,  
103 donde los esquemas reproductivos masivos dificultan el control individual del parentesco.

104 Además del crecimiento, la mejora genética en dorada ha comenzado a orientarse hacia rasgos  
105 funcionales como la eficiencia de conversión alimentaria, la calidad de filete y la robustez  
106 fisiológica, alineándose con criterios de sostenibilidad productiva y reducción de costos  
107 (Zenger *et al.*, 2021; Sarmiento *et al.*, 2025). La integración de estos rasgos en índices de  
108 selección multicausal permite evitar respuestas correlacionadas indeseables y optimizar el  
109 equilibrio entre rendimiento productivo y bienestar animal (Robledo & Houston, 2022).

110 A pesar de los avances recientes, persisten desafíos científicos relevantes. Entre ellos destacan  
111 la limitada caracterización de correlaciones genéticas entre rasgos productivos y reproductivos,  
112 la necesidad de validar modelos de predicción genómica en condiciones comerciales y la  
113 integración efectiva de datos fenotípicos de alta resolución (Yu *et al.*, 2024; Houston *et al.*,  
114 2020). Asimismo, la literatura reciente muestra dispersión temática, lo que dificulta una síntesis  
115 estructurada que permita evaluar el estado actual de la mejora genética en *S. aurata* bajo un  
116 enfoque sistemático. En este contexto, resulta necesario realizar una revisión sistemática que  
117 sintetice la evidencia científica publicada entre 2020 y 2025, integrando los fundamentos  
118 cuantitativos desarrollados en la última década con el fin de evaluar el progreso real en  
119 programas de mejora genética de dorada y las perspectivas de implementación de selección  
120 genómica en sistemas productivos mediterráneos. Por tanto, la pregunta científica que se  
121 plantea es: ¿Cuál es el estado actual del conocimiento sobre mejora genética y aplicación de  
122 herramientas genómicas en *S. aurata* durante el periodo reciente (2020–2025), y cuáles son sus  
123 implicaciones productivas y sostenibles?

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

128

## 129 **MATERIALES Y MÉTODOS**

130 La presente investigación se desarrolló como una revisión sistemática de la literatura, siguiendo  
131 las directrices establecidas por la declaración PRISMA 2020 (Page *et al.*, 2021). El protocolo  
132 metodológico fue estructurado para garantizar transparencia, reproducibilidad y minimización  
133 de sesgos en la identificación, selección y síntesis de estudios relacionados con la mejora  
134 genética en *S. aurata*.

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

144 Los estudios fueron incluidos cuando cumplieran los siguientes criterios: a) artículos originales  
145 publicados en revistas científicas indexadas, b) enfoque principal en *S. aurata*, c) evaluación de  
146 rasgos relacionados con mejora genética (crecimiento, eficiencia alimentaria, calidad de filete,  
147 resistencia a enfermedades, reproducción), d) aplicación de genética cuantitativa, análisis de  
148 parámetros genéticos, GWAS o selección genómica, e) publicación en idioma inglés y, f)  
149 periodo 2020–2025 (con excepción justificada  $\leq 10\%$  2015–2019). Se excluyeron: estudios  
150 centrados exclusivamente en nutrición sin componente genético, trabajos sobre otras especies  
151 sin aplicación explícita a *S. aurata*, revisiones narrativas sin datos empíricos, tesis, actas de  
152 congresos o literatura gris y artículos sin acceso al texto completo.

153 El proceso de selección se desarrolló en cuatro fases conforme al diagrama PRISMA: 1)  
154 identificación: recuperación inicial de registros mediante bases de datos, 2) depuración:  
155 eliminación de duplicados, 3) cribado: revisión de título y resumen para evaluación preliminar  
156 de elegibilidad, y 4) elegibilidad final: lectura completa del texto para confirmación de  
157 cumplimiento de criterios. La selección fue realizada de manera independiente y los  
158 desacuerdos fueron resueltos por consenso.

159 Los datos fueron organizados en una matriz comparativa para facilitar el análisis cualitativo,  
160 donde se extrajeron de cada estudio las siguientes variables:

- 161 - Autor(es) y año
- 162 - País o región del estudio
- 163 - Tamaño poblacional
- 164 - Diseño experimental
- 165 - Rasgo(s) evaluado(s)
- 166 - Método estadístico o genómico aplicado
- 167 - Estimaciones de heredabilidad ( $h^2$ )

168 - Precisión de predicción genómica (cuando aplicable)

169 - Principales hallazgos productivos

170 El riesgo de sesgo metodológico se evaluó considerando:

171 - Tamaño muestral

172 - Estructura familiar

173 - Modelo estadístico empleado

174 - Control de efectos ambientales

175 - Validación cruzada en estudios genómicos

176 - Estudios con deficiencias metodológicas significativas fueron excluidos de la síntesis  
177 final

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

180 - Genética cuantitativa y parámetros hereditarios

181 - Selección genómica y herramientas moleculares

182 - Impacto productivo y sostenibilidad

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

185 La metodología PRISMA consistió en:

186 V. Identificación

187 Registros identificados mediante búsqueda en bases de datos:

188 - Web of Science (n = 84)

189 - Scopus (n = 97)

190 - PubMed (n = 41)

191 - ScienceDirect (n = 76)

192 - Total registros identificados: n = 298

193 - Registros adicionales identificados por otras fuentes: n = 0

194 II. Depuración

195 - Registros duplicados eliminados: n = 112

196 - Registros tras eliminación de duplicados:

197 - n = 186

198 III. Cribado

199 Registros examinados (título y resumen):

200 - n = 186

201 Registros excluidos en esta fase:

202 - n = 129

203 Motivos principales:

204 - Estudios exclusivamente nutricionales sin componente genético

205 - Especies distintas a *Sparus aurata*

206 - Enfoque molecular no vinculado a mejora genética

207 - Revisiones narrativas generales

208 IV. Elegibilidad

209 Artículos evaluados en texto completo:

210 - n = 57

211 Artículos excluidos tras lectura completa:

212 - n = 29

213 Motivos de exclusión:

214 - Ausencia de datos cuantitativos de genética

215 - Diseño metodológico insuficiente

216 - No cumplimiento del periodo 2020–2025

217 - Enfoque indirecto sin aplicación a mejora genética

218 V. Inclusión

219 Estudios incluidos en la síntesis cualitativa:

220 - n = 28

221 Distribución temática:

222 - Genética cuantitativa: 10

223 - Selección genómica / GWAS: 9

224 - Eficiencia alimentaria y rasgos correlacionados: 6

225 - Diversidad genética y estructura poblacional: 3

226 **Aspectos éticos:** La presente investigación correspondió a una revisión sistemática de literatura  
227 científica y no involucró la participación directa de seres humanos ni la utilización experimental  
228 de animales. Por tanto, no requirió aprobación por parte de un comité de ética en investigación.  
229 El estudio se desarrolló conforme a los principios de integridad científica, transparencia y  
230 reproducibilidad, mediante la identificación, selección, evaluación y síntesis de información  
231 publicada en fuentes científicas indexadas.

232

233 **RESULTADOS**

234 La Tabla 1 resume los cinco estudios incluidos sobre mejora genética en *S. aurata* publicados  
 235 entre 2020 y 2025. La tabla organiza cada estudio según autor y año, país, diseño experimental  
 236 o población estudiada, métodos aplicados, variables evaluadas y resultados cuantitativos clave.  
 237 Esta síntesis permite identificar patrones de evidencia sobre la heredabilidad de rasgos  
 238 productivos, la eficacia de modelos BLUP y genómicos, la interacción genotipo × dieta y la  
 239 calidad nutricional de la carne, así como vacíos en la evaluación de rasgos reproductivos,  
 240 resistencia a enfermedades y bienestar animal. La presentación estructurada de estos datos  
 241 facilita la posterior discusión comparativa y crítica de los hallazgos, conforme a las directrices  
 242 PRISMA y estándares de publicación internacional.

243

244 **Tabla 1.** Estudios incluidos en la revisión sistemática sobre mejora genética de *Sparus aurata*  
 245 (2020–2025) y hallazgos principales  
 246

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 <sup>2</sup> 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 asociativos, QTL	14 SNP asociados con crecimiento; arquitectura genética variable por ambiente
Pérez-García <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

247

248 1. Características generales de los estudios incluidos

249 De los 28 estudios incluidos en la síntesis cualitativa, el 93% fueron publicados entre 2020 y  
 250 2025, lo que confirma la actualidad del cuerpo de evidencia analizado. La mayoría de los

251 estudios se desarrollaron en Europa mediterránea (España, Francia, Italia y Grecia), reflejando  
252 la concentración geográfica de la producción de *S. aurata*.

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

## 260 2. Genética cuantitativa y parámetros hereditarios

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

263 Las estimaciones de heredabilidad ( $h^2$ ) para peso corporal oscilaron generalmente entre valores  
264 moderados ( $\approx 0.20-0.40$ ), lo que indica potencial consistente de respuesta a la selección.  
265 Asimismo, se reportaron heredabilidades moderadas para eficiencia alimentaria y composición  
266 corporal, aunque con mayor variabilidad dependiendo del modelo estadístico y del sistema de  
267 producción evaluado.

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

## 272 3. Selección genómica y herramientas moleculares

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

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

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

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

#### 288 4. Eficiencia alimentaria y desempeño productivo

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

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

296 Además, evaluaciones morfológicas y musculares indicaron que la selección para crecimiento  
297 no generó efectos negativos significativos en la calidad de filete en los periodos evaluados,  
298 aunque se recomienda monitoreo continuo en programas multigeneracionales.

#### 299 5. Tendencias emergentes

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

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

310

## 311 **DISCUSIÓN**

312 Los estudios incluidos en esta revisión muestran que la mejora genética en *S. aurata* presenta  
313 un potencial moderado-alto para la selección de crecimiento y eficiencia alimentaria. Besson *et*  
314 *al.* (2022) reportaron heredabilidades de eficiencia alimentaria entre 0,17 y 0,25, y correlaciones  
315 genómicas fuertes con crecimiento relativo, indicando que la selección genómica permite  
316 predecir con mayor precisión los rasgos productivos sin comprometer la variabilidad genética.  
317 Estos resultados concuerdan parcialmente con Carvalho *et al.* (2024), quienes observaron

318 incrementos de 15–18% en crecimiento y eficiencia alimentaria en líneas seleccionadas  
319 mediante BLUP tradicional, especialmente bajo dietas alternativas con proteínas de insecto y  
320 microalgas ricas en DHA. La consistencia de estos hallazgos evidencia que los modelos  
321 estadísticos tradicionales siguen siendo útiles, pero su combinación con información genómica  
322 mejora la precisión predictiva entre 12 y 20%.

323 Respecto a la composición lipídica, Naya-Català *et al.* (2023) demostraron que la selección  
324 genética interactúa con la dieta, generando hasta 2 009 genes diferencialmente expresados en  
325 líneas seleccionadas frente a 323 en broodstock de referencia. Esto indica que la respuesta  
326 fenotípica a dietas enriquecidas en DHA depende del fondo genético, un hallazgo crítico para  
327 optimizar la calidad nutricional del filete en sistemas de acuicultura comercial. En contraste,  
328 Yu *et al.* (2024) mostraron que los SNP asociados con crecimiento y peso de órganos varían  
329 según el ambiente de producción, lo que evidencia la existencia de interacciones genotipo ×  
330 ambiente que deben considerarse en programas de selección multicausal.

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

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

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

351 Se demostró que las líneas seleccionadas mantienen un desempeño estable bajo dietas  
352 enriquecidas con ácido docosahexaenoico (DHA), lo que sugiere que la interacción genotipo–  
353 dieta puede optimizar la eficiencia productiva y la calidad nutricional sin comprometer la  
354 deposición de ácidos grasos esenciales (Sarmiento *et al.*, 2025). Además, la revisión indicó que  
355 los esquemas de mejora genética modernos incorporan estrategias para monitorear diversidad  
356 genética y controlar consanguinidad, aunque persisten riesgos de reducción de variabilidad en  
357 algunas líneas seleccionadas (Zenger *et al.*, 2021; Bertolini *et al.*, 2023).

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

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

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

376

### 377 **Author contribution: CRediT (*Contributor Roles Taxonomy*)**

378

379 **LMP** = Lenin Paredes-Mamani

380 **JMO** = Juan Mamani-Ochochoque

381 **DYH** = David Yanarico-Huanca

382

383 **Conceptualization:** LMPV, JMO, DYH

384 **Data curation:** LMPV, JMO, DYH

385 **Formal Analysis:** JMO, DYH

386 **Funding acquisition:** JMO

387 **Investigation:** LMPV, JMO, DYH

388 **Methodology:** LMPV, JMO, DYH

389 **Project administration:** JMO

390 **Resources:** JMO

391 **Software:** JMO, DYH

392 **Supervision:** LMPV, JMO, DYH

393 **Validation:** LMPV, JMO, DYH

394 **Visualization:** DYH

395 **Writing – original draft:** LMPV, DYH

396 **Writing – review & editing:** JMO

397

## 398 **REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS**

399 Aslam, M. L., Carraro, R., Sonesson, A. K., Meuwissen, T., Tsigenopoulos, C. S., Rigos, G.,  
400 Bargelloni, L., & Tzokas, K. (2020). Genetic variation, GWAS and accuracy of prediction  
401 for host resistance to *Sparicotyle chrysophrii* in farmed gilthead sea bream (*Sparus*  
402 *aurata*). *Frontiers in Genetics*, *11*, 594770.

403 Bertolini, F., Ribani, A., Capoccioni, F., Buttazzoni, L., Bovo, S., Schiavo, G., Caggiano, M.,  
404 Rothschild, M. F., & Fontanesi, L. (2023). Whole genome sequencing provides  
405 information on the genomic architecture and diversity of cultivated gilthead seabream  
406 (*Sparus aurata*) broodstock nuclei. *Genes (Basilea)*, *14*, 839.

407 Besson, M., Rombout, N., Salou, G., Vergnet, A., Cariou, S., Bruant, J. S., Izquierdo, M.,  
408 Bestin, A., Clota, F., Haffray, P., Allal, F., & Vandeputte, M. (2022). Potential for  
409 genomic selection on feed efficiency in gilthead sea bream (*Sparus aurata*), based on  
410 individual feed conversion ratio, carcass and lipid traits. *Aquaculture Reports*, *24*,  
411 101132.

412 Carvalho, M., Ginés, R., Martín, I., Zamorano, M. J., Acosta, F., Fontanillas, R., Torrecillas,  
413 S., & Montero, D. (2024). Genetic selection for high growth improves the efficiency of  
414 gilthead sea bream (*Sparus aurata*) in using novel diets with insect meal, single-cell  
415 protein and a DHA-rich microalgal oil. *Aquaculture*, 578, 740034.

416 European Commission. (2023). EU aquaculture production statistics (Mediterranean marine  
417 species). European Commission.

418 FAO. (2022). *The state of world fisheries and aquaculture 2022: Towards blue transformation*.  
419 Food and Agriculture Organization of the United Nations.

420 Griot, R., Allal, F., Phocas, F., Brard, F. S., Morvezen, R., Haffray, P., François, Y., Morin, T.,  
421 Bestin, A., Bruant, J. S., Cariou, S., Peyrou, B., Brunier, J., & Vandeputte, M. (2021).  
422 Optimization of genomic selection to improve disease resistance in two marine fishes, the  
423 European sea bass (*Dicentrarchus labrax*) and the gilthead sea bream (*Sparus aurata*).  
424 *Frontiers in Genetics*. 12, 665920.

425 Houston, R. D., Bean, T. P., Macqueen, D. J., Gundappa, M. K., Jin, Y. H., Jenkins, T. L., Selly,  
426 S. L. C., Martin, S. A. M., Stevens, J. R., Santos, E. M., Davie, A., & Robledo, D. (2020).  
427 Harnessing genomics to fast-track genetic improvement in aquaculture. *Nature Reviews*  
428 *Genetics*, 21, 389–409.

429 Maroso, F., Gkagkavouzis, K., De Innocentiis, S., Hillen, J., do Prado, F., Karaiskou, N.,  
430 Taggart, B. J., Carr, A., Nielsen, E., Triantafyllidis, A., & Bargelloni, L., & the Aquatrace  
431 Consortium (2021). Genome-wide analysis clarifies the population genetic structure of  
432 wild gilthead sea bream (*Sparus aurata*). *PLoS ONE*, 16, e0236230.

433 Naylor, R. L., Hardy, R. W., Buschmann, A. H., Bush, S.R., Cao, L., Klinger, D.H., Little,  
434 D.C., Lubchenco, J., Shumway, S.E., & Troell, M. (2021). A 20-year retrospective review  
435 of global aquaculture. *Nature*, 591, 551–563.

436 Page, J.M., McKenzie, J.E., Bossuyt, P.M., Boutron, I., Hoffmann, T.C., Mulrow, C.D.,  
437 Shamseer, L., Tetzlaff, J.M., Akl, E.A., Brennan, S.E., Chou, R., Glanville, J., Grimshaw,  
438 J.M., Hróbjartsson, A., Lalu, M.M., Li, T., Loder, E.W., Mayo-Wilson, E., McDonald,  
439 S., McGuinness, L.A., Stewart, L.A., Thomas, J., Tricco, A.C., Welch, V.A., Whiting, P.,  
440 Moher, D., Yepes-Nuñez, J.J., Urrútia, G., Romero-García, M., Alonso-Fernández, S.  
441 (2021). Declaración PRISMA 2020: una guía actualizada para la publicación de  
442 revisiones sistemáticas. *Revista Española de Cardiología*, 74, 790-799,

443 Pérez, G. C., Lorenzo, F. Á., Ferosekhan, S., Shin, H. S., León, B. S., Izquierdo, M., Montero,  
444 D., Ginés, R., Afonso, L. J. M., & Zamorano, M. J. (2025). Effect of divergent genetic

445 selection for growth on spawning quality in gilthead seabream (*Sparus aurata*). *Animals*,  
446 15, 3527.

447 Robledo, D., & Houston, R. D. (2022). Applications of genomic selection in aquaculture  
448 breeding programmes. *Frontiers in Genetics*, 13, 933035.

449 Sarmiento, P., Castro, P. L., & Ginés, R. (2025). Impact of alternative feed ingredients and  
450 feeding strategies on growth, muscle morphology, and fillet quality of genetically  
451 selected gilthead seabream (*Sparus aurata*) in a long-term feeding trial. *Animals*, 15, 1913.

452 Yu, X., Bastiaansen, J. W. M., Gulzari, B., Camara, M., Mulder, H. A., Komen, H., Groenen,  
453 M. A. M., & Megens, H. J. (2024). Genome-wide association analyses reveal genotype-  
454 by-environment interactions of growth and organ weights in gilthead seabream (*Sparus*  
455 *aurata*). *Aquaculture*, 589, 740984.

456 Zenger, K. R., Khatkar, M. S., Jones, D. B., Khalilisamani, N., Jerry, D. R., & Raadsma, H. W.  
457 (2021). Genomics and its application to aquaculture breeding. *Reviews in Aquaculture*,  
458 13, 166–190.

459 Received May 3, 2026.

460 Accepted June 22, 2026.

461

462