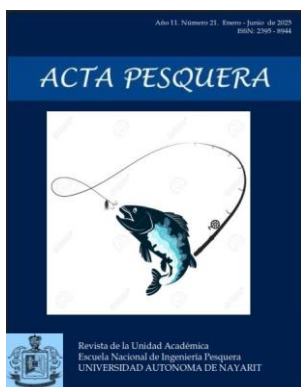




Revista ACTA PESQUERA.

Volumen 11 No. 21.

ISSN: 2395-8944

Periodo: Enero - Junio de 2025

San Blas, Nayarit. México

Pp. 13 - 23

Recibido: 05 Mayo 2025

Aprobado: 25 de Junio de 2025

DOI: 10.60113/ap.v11i21.146

**Identificación de variantes genéticas asociadas al crecimiento en tilapia
mediante análisis de SNPs en poblaciones del estado de Nayarit**

**Identification of Genetic Variants Associated with Growth in Tilapia
through SNPs Analysis in Populations from the State of Nayarit**

Keven Yardley Sanabia-Gameros
Programa de Maestría en Ciencias Biológico Agropecuarias U. A.
sanabia.gameros@gmail.com
<https://orcid.org/0000-0002-3695-2615>

Francisco Valdez-González
Unidad Académica Escuela Nacional de Ingeniería Pesquera
francisco.valdez@uan.edu.mxCorreo
<https://orcid.org/0000-0002-2517-4811>

Elifonso Isiordia-Pérez
Unidad Académica Escuela Nacional de Ingeniería PesqueraInstitución
elifonso@uan.edu.mx
<https://orcid.org/0000-0002-6821-123X>

Claudia Azucena-González-Huerta
Universidad Autónoma de Nayarit
claudia.gonzalez@uan.edu.mx
<https://orcid.org/0000-0003-3489-202X>

Breidy Lizeth Cuevas-Rodríguez
¹Universidad Autónoma de Nayarit
cuevas@uan.edu.mx
<https://orcid.org/0000-0002-6173-322X>

Identificación de variantes genéticas asociadas al crecimiento en tilapia mediante análisis de SNPs en poblaciones del estado de Nayarit

Identification of Genetic Variants Associated with Growth in Tilapia through SNPs Analysis in Populations from the State of Nayarit

Resumen

La tilapia representa la tercera especie acuícola de mayor producción a nivel mundial, gracias a su alto rendimiento productivo, valor nutricional y bajo costo de cultivo. El uso de herramientas biotecnológicas ha impulsado significativamente su desarrollo, permitiendo la identificación de rasgos de interés en programas de mejoramiento, como el crecimiento, mediante el análisis de genes asociados a este carácter. El objetivo del presente estudio fue identificar variantes de un solo nucleótido (SNPs) en genes relacionados con el crecimiento. Para ello, se recolectaron 50 individuos en distintas localidades del estado de Nayarit, los cuales fueron sexados, marcados y muestreados para la obtención de sangre. El ADN genómico fue extraído utilizando un kit comercial de la marca Qiagen, siguiendo el protocolo del fabricante. Posteriormente, se llevó a cabo la amplificación por PCR empleando concentraciones de dNTPs (0.4 nM), iniciadores (0.5 μ M) y GoTaq DNA Polimerasa (2.5 U). Los productos amplificados fueron secuenciados y analizados mediante el software CodonCode Aligner, identificándose polimorfismos en 14 individuos. En el gen amplificado con el iniciador GHp se detectaron cinco transiciones y seis transversiones entre las posiciones 231 y 435 pb; mientras que con el iniciador GH2 se observaron tres transiciones y cinco transversiones entre las posiciones.

Palabras clave: *Tilapia, SNPs, crecimiento, biotecnología, análisis genético, Nayarit*

Abstract

Tilapia is the third most produced aquaculture species worldwide, thanks to its high productive performance, nutritional value, and low cultivation cost. The use of biotechnological tools has significantly enhanced its development, enabling the identification of traits of interest in breeding programs, such as growth, through the analysis of genes associated with this characteristic. The aim of this study was to identify single nucleotide polymorphisms (SNPs) in genes related to growth. To achieve this, 50 individuals were collected from various locations in the state of Nayarit, sexed, marked, and sampled for blood collection. Genomic DNA was extracted using a Qiagen commercial kit, following the manufacturer's protocol. PCR amplification was then performed with concentrations of dNTPs (0.4 nM), primers (0.5 μ M), and GoTaq DNA Polymerase (2.5 U). The amplified products were sequenced and analyzed using the CodonCode Aligner software, identifying polymorphisms in 14 individuals. In the gene amplified with the GHp primer, five transitions and six transversions were detected between positions 231 and 435 bp; while with the GH2 primer, three transitions and five transversions were observed between positions 488 and 543 bp.

Keywords: *Tilapia, SNPs, Biotechnology, genetic analysis, Nayarit.*

INTRODUCCIÓN

La acuicultura se define como el conjunto de actividades orientadas al desarrollo de organismos y microorganismos acuáticos, tanto vegetales como animales, con el objetivo de lograr una producción elevada y controlada de bienes alimenticios, principalmente para mejorar el abastecimiento de consumo (FAO, 2020).

En México, la acuicultura es considerada un tema de seguridad nacional y una parte esencial de la actividad económica y social del país (FAO, 2022). En 2018, la producción mundial de acuicultura alcanzó un récord de 96.4 millones de toneladas, lo que representó un aumento del 5.4% con respecto a años anteriores. A nivel global, la tilapia del Nilo (*Oreochromis niloticus*) ocupó el tercer lugar entre las especies más producidas, alcanzando 10.3 millones de toneladas, lo que implicó un incremento del 51% en comparación con 2016 (FAO, 2020). Este crecimiento en la producción de tilapia se atribuye a su alta resistencia a enfermedades, rápido crecimiento, facilidad de manejo, capacidad de sobrevivir en ambientes con bajos niveles de oxígeno y su habilidad para alimentarse de una amplia gama de alimentos (Cuevas-Rodríguez et al., 2017).

El cultivo de la tilapia ha experimentado un notable crecimiento global, con avances significativos en el desarrollo de tecnologías debido a su creciente aceptación en el mercado internacional, especialmente en Estados Unidos. México es uno de los principales productores de tilapia en América Latina, aunque sus exportaciones siguen siendo limitadas (Ruiz-Velazco et al., 2006). Según Ruiz-Campos (2012), la tilapia fue introducida en México durante la década de los 70 como parte de un programa nacional de piscicultura rural para apoyar a los productores acuícolas. En el estado de Nayarit, la tilapia ocupa el segundo lugar entre las especies más cultivadas. Actualmente, los cultivos de tilapia en este estado están concesionados en 109 cuerpos de agua para su explotación comercial, y se tiene registro de siembra en 184 cuerpos de agua. La acuicultura en Nayarit demanda un desarrollo sostenible de los recursos biológicos y económicos disponibles para el sector acuícola. Por lo tanto, el éxito del desarrollo acuícola dependerá de la implementación de tecnologías eficientes, innovación y la modernización de los procesos (Ponce-Palafox et al., 2018).

Aunque las tecnologías genéticas no habían sido consideradas un componente estándar de la producción acuícola, en la última década ha

aumentado su aplicación en la mejora genética de las especies cultivadas. Actualmente, 10 de las 19 especies acuícolas más cultivadas están bajo algún tipo de selección genética (Jaser et al., 2017). Una de las herramientas biotecnológicas clave en este proceso es la genotipificación o caracterización molecular de poblaciones animales, que ha ganado relevancia por su impacto en la productividad. La implementación de la biotecnología en la industria acuícola ha permitido caracterizar la variabilidad genética presente en el ADN de los organismos, mejorando la comprensión de la relación genotipo-fenotipo. Esto ha generado avances en la selección de progenitores candidatos, reducción del intervalo generacional y aumento de la ganancia genética (Cuevas-Rodríguez et al., 2016).

Una de las alternativas para hacer más rentable el cultivo de tilapia es identificar e incorporar caracteres fenotípicos a partir de colectas silvestres o semi-silvestres, mejorando así las variedades locales con potencial productivo. Mediante cruza entre individuos genéticamente diversos, se pueden incorporar características deseables en el cultivo, como el crecimiento, que es uno de los rasgos más importantes para la acuicultura (Hemmer-Hansen et al., 2011). En vertebrados, la hormona de crecimiento (GH) es la principal responsable del crecimiento somático. En peces, esta hormona regula el metabolismo energético, la reproducción, la osmorregulación, el comportamiento y las funciones inmunológicas. La estructura genética de la hormona de crecimiento en peces es variable, con algunos grupos presentando cinco exones y cuatro intrones, como en los tetrápodos, o seis exones y cinco intrones, siendo los exones 5 y 6 producto de la inserción de un intrón en el último exón (Delgadín, 2016). Se han identificado los receptores de la hormona de crecimiento (GHR-I y GHR-II) en peces, los cuales se expresan en el hígado. La hormona de crecimiento, a través de estos receptores, estimula la producción de factores de crecimiento similares a la insulina, que intervienen en diversas funciones fisiológicas (Cottrino, 2016).

Con base en lo anterior, el objetivo de este estudio es identificar variaciones de un solo nucleótido (SNPs) localizadas en genes relacionados con el crecimiento en poblaciones de tilapia de la región de Nayarit.

MATERIALES Y METODOS

Recolecta de muestra

Se realizaron muestreo en distintos municipios del estado de Nayarit, para seleccionar las zonas de recolección donde se seleccionaron organismos vivos (n=50) trasladándolos a la Escuela Nacional de Ingeniería Pesquera, de la Universidad Autónoma de Nayarit, en San Blas, Nayarit; posteriormente fueron colocados en un estanque para su aclimatación, con entrada de agua constante y aeración continua.

Para evaluar la población experimental de descubrimiento e identificar la variabilidad genética en las poblaciones de estudio. Se extrajeron muestras de sangre de la aleta caudal y el ADN se aisló utilizando el kit comercial DNA marca Qiagen.® El gen de la hormona de crecimiento de tilapia *O. niloticus*,

posee 2341 pb y su secuencia se encuentra disponible en la base de datos del Centro Nacional de Información en Biotecnología de Estados Unidos (National Center of Biothechnology Information, NCBI), bajo el código LOC100534452 en su última versión para los cuales, se diseñarán los oligos específicos en regiones flanqueantes con el programa Primer Select V7.0.0 de la Suite Lasergene, DNASTAR y reportado por Cuevas-Rodríguez *et al.* (2016) (Tabla1). Las amplificaciones de los fragmentos del gen se realizaron con variaciones en las concentraciones de ADN molde, magnesio, temperatura y programas de PCR. Se utilizaron concentraciones de dNTPs (0.4 nM), primers (0.5 µM) y GoTaq DNA Polimerasa (2.5 U), la temperatura de alineamiento 60°C y 50ng de muestra de ADN. Los productos de PCR purificados fueron secuenciados en ambas direcciones en un secuenciador automático ABI PRISM 3100 Genetic Analyzer (Applied Biosystems®). Una vez obtenidas las secuencias de nucleótidos, los alineamientos de secuencias y la identificación de SNPs se realizaron utilizando el software PolyPhred (Nickerson et al., 1997).

Tabla 1.- Oligonucleótidos diseñados para la amplificación del gen GH

	Nombre del Primer	Secuencia (5'- 3')	Tamaño del producto de PCR en pb
1	GH1	A:atgttggtatgtcagagcacttt B: tgaaaa agaccaaag ttacc	545pb
2	GH2	A:ttctgtatgcacctgtgtatt B:agtcagggtggttagtcgcattggt	510pb
3	GH3	A: acacaggaca gaagagcgca tactgaagacta B: ctgctgggtgagggaggac	552pb
4	GHp	A:gtcgacctttatttcaga B:gctcagagtttttgccttta	466pb

RESULTADOS**Identificación de los polimorfismos****Polimorfismos en el gen GH**

Se obtuvieron satisfactoriamente 14 muestras de ADN, los cuales se organizaron bancos distintos de acuerdo a la población de origen.

Para el gen GH, se secuenciaron 600 pb en 14 organismos de dos poblaciones, dando un total de 8,400 pb analizadas.

En las secuencias con el primer GHp se observaron variaciones polimórficas en cuatro indivi-

duos; en el organismo 2 se observó una transición (A/G) localizada en la posición 231 y dos transversiones (A/C) y (C/A) localizadas en la posición 383 y 434 respectivamente. En el organismo 3 se localizaron cuatro transiciones, dos (A/G), (T/C) y (T/G) desde la posición 274 hasta la 289; dos transversiones (T/G) localizada en la posición 294 y (T/A) en la posición 319. Los organismos 11 y 14 comparten una transversión (C/G) localizada en ambas en la posición 435. Todos localizados en la región promotora (tabla 2).

Tabla 2.- Polimorfismos observados en la hormona GH con el primer GHp

Gen	Organismo	Polimorfismo		Localización	Región
GHp	2	Transición	A/G	231	Promotor
	2	Transversión	A/C	383	
	2	Transversión	C/A	434	
	3	Transición	C/T	274	
	3	Transición	A/G	284	
	3	Transición	A/G	286	
	3	Transición	T/C	289	
	3	Transversión	T/G	294	
	3	Transversión	T/A	319	
	11	Transversión	C/G	435	
	14	Transversión	C/G	435	

En el primer GH2 se localizaron polimorfismos en 3 individuos diferentes, una transversión en el organismo dos (C/G) localizada en la posición 543. En el organismo 6 una transición (T/C) localizada en la posición 532 y una Transversión (T/A) localizada en la posición 536. En el organismo 14 se localizaron dos transiciones (A/G), (C/T) localizado en la posición 488 y 527 res-

pectivamente y tres transversiones (G/C), (T/A) y (C/A) localizadas desde la posición 513 hasta la 515. Todas en la región codificante (Tabla 3). De forma individual el individuo marcado con el número 2 y 14 cuentan con polimorfismos de ambos tipos en los dos iniciadores.

Tabla 3.- Polimorfismos observados en la hormona GH con el primer GH2

Gen	Organismo	Polimorfismo		Localización	Región
GH2	2	Transversión	C/G	543	Codificante
	6	Transición	T/C	532	
	6	Transversión	T/A	536	
	14	Transición	A/G	488	
	14	Transversión	G/C	513	
	14	Transversión	T/A	514	
	14	Transversión	C/A	515	
	14	Transición	C/T	527	

Discusión

El incremento en la investigación de las bases genéticas, con énfasis en rasgos fenotípicos como la heredabilidad y las correlaciones genéticas (Gjerde, 1986; Vandeputte et al., 2004), junto con la exitosa adaptación de planes de mejoramiento genético diseñados para especies acuícolas (Dupont-Nivet et al., 2006), ha impulsado avances significativos en la acuicultura. Este mejoramiento se ha potenciado gracias a la genética molecular, la cual ha revolucionado diversas tecnologías con un objetivo central: estudiar la composición genética de los individuos a nivel de secuencia de ácido desoxirribonucleico (ADN), con el fin de reforzar la selección de crías desde edades tempranas y predecir con mayor precisión su fenotipo en la etapa adulta. (Cuevas- Rodríguez et al., 2017). Para alcanzar este propósito, es fundamental localizar e identificar genes y sus polimorfismos asociados a rasgos de interés, con el objetivo de utilizarlos posteriormente como marcadores moleculares en distintas especies de los sistemas productivos, estrategia conocida como selección asistida por genes (GAS, por sus siglas en inglés) (De-Santi y Jerry, 2007).

El crecimiento es un rasgo productivo prioritario en muchas especies acuícolas, por lo que el uso de herramientas como la selección asistida por genes (GAS) en estrategias de mejoramiento genético puede representar una ventaja económica al reducir el tiempo necesario para lograr mejoras significativas en la producción. En peces, al igual que en la mayoría de los mamíferos, el crecimiento y el desarrollo están regulados principalmente por el eje somatotrófico. La identificación de polimorfismos genéticos en los genes que conforman este eje ha permitido la aplicación de la estrategia GAS en diversas especies tanto de peces como de mamíferos (De-Santi y Jerry, 2007).

Los genes candidatos son aquellos cuya función biológica es conocida y que, generalmente, están involucrados en el desarrollo o la fisiología de una característica específica. Estos pueden clasificarse como genes estructurales, reguladores o genes que participan en rutas metabólicas. La estrategia basada en genes candidatos se centra en la identificación y selección de polimorfismos de un solo nucleótido (SNP, por sus siglas en inglés), lo que suele

implicar la secuenciación completa del gen en la población de estudio (Yañez et al., 2020).

Un objetivo clave del uso de SNPs en esta estrategia es su capacidad para revelar sustituciones nucleotídicas en posiciones específicas del codón, las cuales pueden o no modificar la secuencia aminoácida. Estas sustituciones se clasifican en dos tipos: las sustituciones nucleotídicas sinónimas (sSNPs) o silenciosas, que no alteran el aminoácido codificado; y las sustituciones no sinónimas (nsSNPs) o antónimas, que sí producen un cambio en el aminoácido (Gou et al., 2017).

Los genes del eje somatotrófico, así como aquellos relacionados con el desarrollo muscular, han sido ampliamente caracterizados con el fin de identificar polimorfismos genéticos que permitan seleccionar individuos con mayor potencial productivo en peces (Liu et al., 2014). En *Oreochromis niloticus*, los principales genes de este eje han sido secuenciados, revelando variaciones genéticas asociadas a rasgos productivos como el crecimiento. Jaser et al. (2017) sugieren que la variación en crecimiento está más relacionada con la genética del organismo que con las condiciones de cultivo, observando que un aumento en la variabilidad genética conlleva un incremento en el peso de cosecha.

Black et al. (2009) encontraron una asociación significativa entre un polimorfismo (GH1-PstI) ubicado en el intrón 1 del gen de la hormona de crecimiento (GH) y diversas características corporales de distintas variedades de tilapia del Nilo, tales como longitud total, altura y ancho del cuerpo, lo cual sugiere un papel regulador de este gen sobre el rendimiento productivo. De forma complementaria, Yue y Orban (2001) reportaron que la mayoría de las variaciones genéticas del gen GH se localizan en los intrones, principalmente como inserciones, deleciones, repeticiones y SNPs. Por su parte, Streelman y Kocher (2002) asociaron la longitud de un microsatélite en el promotor del gen prolactina con el crecimiento y niveles de expresión de este gen en cruces entre *O. mossambicus* (adaptada a salinidad) y *O. niloticus* (adaptada a agua dulce).

Asociaciones similares entre polimorfismos en regiones codificantes y no codificantes del gen GH y rasgos de crecimiento han sido descritas en otras especies, como *Paralichthys olivaceus* (Kang et al., 2002), *Salmo salar* (Gross y

Nilsson, 1999) y *Salvelinus alpinus* (Tao y Boulding, 2003).

La hormona de crecimiento (GH) es un polipéptido que desempeña un papel fundamental en la estimulación del crecimiento en vertebrados, incluidos los teleósteos. Sus secuencias de aminoácidos están conservadas filogenéticamente (Watahiki et al., 1989), lo que se refleja también en la conservación de su función biológica. En general, la GH regula el crecimiento somático mediante procesos de hipertrofia e hiperplasia celular. En peces teleósteos, además, cumple funciones clave como la osmorregulación (Mancera y McCormick, 1998), control de la esmoltificación (Björnsson et al., 2000) y síntesis de proteínas anticongelantes (Idler et al., 1989).

Gracias a estudios de clonación y caracterización del gen GH en especies de interés comercial, como carpa común (*Cyprinus carpio*), bagre de canal (*Ictalurus punctatus*), dorada (*Sparus aurata*) y salmón del Atlántico (*Salmo salar*), se ha avanzado significativamente en el entendimiento de su regulación genética (Chiou et al., 1990; Tang et al., 1993; Almuly et al., 2005).

En este trabajo se utilizó la estrategia de genes candidatos para identificar variación genética asociada a rasgos de crecimiento en tilapia. Para el gen GH, se re-secuenciaron 600 pb en 14 organismos de dos poblaciones, totalizando 8,400 pb analizadas. Se identificaron variaciones polimórficas del tipo SNPs en cuatro individuos, todas localizadas en la región promotora del gen, detectándose una transición y dos transversiones en las posiciones 383 y 434, respectivamente. En el individuo número 3 se hallaron cuatro transiciones [(A/G), (T/C), (T/G)]

entre las posiciones 274 y 289, así como dos transversiones [(T/G) en la posición 294 y (T/A) en la 319]. Los organismos 11 y 14 compartieron una transversión (C/G) en la posición 435 (Tabla 2).

Las variaciones funcionales dentro de regiones promotoras pueden afectar la actividad transcripcional del gen, modulando la unión de factores de transcripción (Zou y Liu, 2015), lo que coincide con los hallazgos de este estudio. Aunque no se planteó una asociación directa con el origen o productividad de los organismos, estudios como el de Li et al. (2012) han demostrado que polimorfismos en regiones promotoras de genes como *MSTN* en lenguado manchado (*Verasper variegatus*) se asocian significativamente con el crecimiento, incluso de forma sexo-específica.

En este estudio se observaron variaciones del tipo SNP en la región codificante del exón II del gen GH. En tres individuos se detectaron mutaciones específicas: en el organismo 2, una transversión (C/G) en la posición 543; en el organismo 6, una transición (T/C) en la posición 532 y una transversión (T/A) en la 536; mientras que en el organismo 14 se encontraron dos transiciones (A/G y C/T) en las posiciones 488 y 527, y tres transversiones (G/C, T/A, C/A) entre las posiciones 513 y 515 (Tabla 3).

Los SNPs en exones, especialmente los no sinónimos (nsSNP), son de gran relevancia debido a su impacto potencial en el fenotipo, al modificar la secuencia aminoacídica de la proteína (Ramensky et al., 2002). En tilapia del Nilo, estas variantes han mostrado asociaciones con características como longitud total y estándar, profundidad y ancho corporal, y peso, lo que respalda su uso en programas de selección asistida por marcadores (Zou et al., 2015).

Bibliografía

- Abo-Al-Ela, H., El-Magd, M., El-Nahas, A. y Mansour, A. (2014). Association of a novel SNP in exon 10 of the IGF2 gene with growth traits in Egyptian water buffalo (*Bubalus bubalis*). *Tropical Animal Health and Production*. 46(6): 947-952.
- Almuly, R., Poleg-Danin, Y., Gorshkov, S., Gorshkova, G., Rapoport, B., Soller, M. y Funkenstein, B. (2005). Characterization of 50 flanking region of the growth hormone gene of the marine teleost, gilthead sea bream *Sparus aurata*: Analysis of a polymorphic microsatellite in the proximal promoter. *Fisheries Science*. 71: 479- 490.
- Astorga, M. (2008). Estado actual del uso de marcadores moleculares en moluscos bivalvos de importancia para la acuicultura. *Cultivo y manejo de moluscos bivalvos en América Latina*: 277-287
- Bautista, J. y Ruiz-Velazco, J. (2011). Calidad de agua para el cultivo de Tilapia en tanques de geomembrana. *Revista Fuente*. (8): 10-14.
- Biocnología. (2004). El Cuaderno de Porque Biocnología. Consultado el 01 de diciembre del 2021: https://www.porquebiocnologia.com.ar/Cuadernos/El_Cuaderno_86.pdf
- Björnsson, B., Hemre, G., Bjornevik, M. y Hansen, T. (2000). Photoperiod regulation of plasma growth hormone levels during induced smoltification of underyearling Atlantic Salmon. *General and Comparative Endocrinology*. 119: 17-25.
- Black, D., Gasparino, E., Ribeiro, R. y Marques, D. (2009). Polymorphism in the GH1-PstI gene associated to corporal characteristics in Nile tilapia strains. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*. (44): 599-604.
- Boutneuf, E., Otz, P., Pausch H., Jagannathan, V., Michot, P. y Grosh, C. (2017). Rapid discovery of De Novo deleterious mutations in Cattle Enhances the value of livestock as model species. *Scientific Reports*. 7(11466): 1-19. doi:10.1038/s41598-017-11523-3.
- Caratachea, M. (2007). Plimorfismos genéticos: importancia y aplicaciones. *Revista del Instituto Nacional de Enfermedades Respiratorias*. 20(3): 213-221.
- Chiou, C., Chen, H., y Chang, W. (1990). The complete nucleotide sequence of the growth-hormone gene from the common carp (*Cyprinus carpio*). *Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-Gene Structure and Expression*. 1087(1): 91-94.
- Cotrino, L. (2016). Efectos de la hormona de crecimiento (GH), insulina, cortisol y estradiol sobre la expresión de los receptores de hormona de crecimiento (GHRs) y de los factores de crecimiento similares a insulina (IGFs) en hepatocitos de Pejerrey (*Odontesthes bonariensis*) en cultivo. Trabajo de grado. Bogotá, Colombia. Recopilado el 01 de junio del 2022: <http://hdl.handle.net/10654/14110>.
- Cuevas-Rodríguez, B. (2016). Análisis del polimorfismo en genes candidatos y su asociación a la calidad de huevo y juveniles en poblaciones de tilapia (*Oreochromis niloticus*). Tesis. Instituto Politécnico Nacional. Guasave, Sinaloa.
- Cuevas-Rodríguez, B., García-Ulloa, M., Hernández-Llamas, A., Recotta, I., Valdez-González, F., Polaco-Torres, A. y Rodríguez-González, H. (2017). Evaluating quality of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) eggs and juveniles from different commercial hatcheries. *Latin American Journal of Aquatic Research*. 45(1): 213-217.
- Delgadín, T. (2016). Respuesta del eje hormona de crecimiento (GH)/factor de crecimiento tipo insulina-I (IGF-I) a alteraciones en la ingesta en el pez cíclido *Cichlasoma dimerus*. Tesis. Universidad de Buenos Aires. Buenos Aires, Argentina.
- De-Santis, C. y Jerry, D. (2007). Candidate growth genes in finfish - where should we be looking? *Aquaculture*. 272: 22-38.
- Diopere, E., Hellemans-Volckaert, B. y Maes, G. (2013). Identification and validation of single nucleotide polymorphisms in growth-and maturation-related candidate genes in sole (*Solea solea* L.). *Marine Genomics*. 9: 33-38.
- Du, S., Devlin, R., y Hew, C. (1993): Genomic structure of growth hormone genes in chinook salmon (*Oncorhynchus tshawytscha*): presence of two functional genes, GH-I and GH-II, and a male-specific pseudogene. *DNA an Cell Biology*. 12(8): 739-751.

- Dunpont-Nievet, M., Vandeputte, M., Haf-ray, P. y Chevassus, B. (2006). Effect of different mating designs on inbreeding, genetic variance and response to selection when applying individual selection in fish breeding programs. *Aquaculture*. 252(2-4): 161-170.
- FAO. (2016). El estado mundial de la pesca y la acuicultura 2016. Contribución a la seguridad 57 alimentaria y la nutrición para todos. Roma: 224.
- FAO. (2020). El estado mundial de la pesca y la acuicultura 2020. Consultado el 01 de junio del 2022: <https://doi.org/10.4060/ca9229es>.
- FAO. (2022). Visión general del sector acuícola nacional en México, Texto de Montero Rodríguez, M. Consultado el 01 de junio del 2022: <https://www.fao.org/fishery/es/countrysector/mx/es>.
- Figueras, A. y Novoa, B. (2014). Biotecnología marina y acuicultura. Consultado el 01 de diciembre del 2021: <https://arbor.revistas.csic.es/index.php/arbor/article/view/1955/2281>
- Flores, E. (2006). Aplicaciones de la biología molecular en la acuicultura. *Encuentro*. (75): 20-32.
- Gjerder, B. (1986). Growth and reproduction in fish and shellfish. *Aquaculture*. 57(1-4): 37-35.
- Gou, C., McDowell, I., Nodeznski, M., Scholtens, D., Allen, A., Lowe, W. y Reddy, T. (2017). Transversions have larger regulatory effects than transitions. *BMC Genomics*. 18(1): 1-9.
- Gross, R., y Nilsson, J. (1999). Restriction fragment length polymorphism at the growth hormone 1 gene in Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) and its association with weight among the offspring of a hatchery stock. *Aquaculture*. 173(1-4): 73-80.
- Gui, J., y Zhu, Z. (2012). Molecular basis and genetic improvement of economically important traits in aquaculture animals. *Chinese Science Bulletin*. 57: 1751-1760.
- Hemmer-Hansen, J., Nielsen, E. Meldrup y Mittelholzer, C. (2011). Identification of single nucleotide polymorphisms in candidate genes for growth and reproduction in a nonmodel organism; the Atlantic cod, *Gadus morhua*. *Molecular Ecology Resources*. 11:71-80.
- Hershnerger, W. (2006). What can history tell us about the future of aquaculture genetics. *The Israeli Journal of Aquaculture*. 58(4): 223-229.
- Hong, Y., y Scharl, M. (1993). Sequence of the growth hormone (GH) gene from the silver carp (*Hypophthalmichthys molitrix*) and evolution of GH genes in vertebrates. *Biochimica et Biophysica Acta*. 1174: 285-288.
- Huerta, J. (2007). Articulación productiva para el desarrollo de las pequeñas empresas de Biotecnología Marina y Acuicultura región occidente.
- Idler, D., Fletcher, G., Belkhome, S. King, M. y Hwang, S. (1989). Regulation of antifreeze protein production in winter flounder: a unique role for growth hormone. *General and Comparative Endocrinology*. 74:327-334.
- Jaser, S, Dias, M., Lago, A., Reis-Nieto, R. y Hilsdorf, A. (2017). Single nucleotide polymorphisms in the growth hormone gene of *Oreochromis niloticus* and their association with growth performance. *Aquaculture Research*. 48(12): 5835-5845.
- Johansen, B., Johnsen, O., y Valla, S. (1989). The complete nucleotide sequence of the growth-hormone gene from Atlantic salmon (*Salmo salar*). *Gene*. 77(2): 317-324.
- Kang, J., Lee, S., Park, S., y RYU, H. (2002). DNA polymorphism in the growth hormone gene and its association with weight in olive flounder *Paralichthys olivaceus*. *Fisheries Science*. 68(3): 494-498.
- Kocour, M., y Kohlmann, K. (2011). Growth hormone gene polymorphisms in tench, *Tinca tinca* L. *Aquaculture*. 310: 298-304.
- Li, H., Fan, J., Liu, S., Yang, Q., Mu, G., y He, C. (2012). Characterization of a myostatin gene (MSTN1) from spotted halibut (*Verasper variegatus*) and association between its promoter polymorphism and individual growth performance. *Comparative Biochemistry and Physiology Part B: Biochemistry and Molecular Biology*. 161(4): 315-322.
- Liu, F., Sun, F., Xia, J. H., Li, J., Fu, G. H., Lin, G. & Yue, G. H. (2014). A genome scan revealed significant associations of growth traits with a major QTL and GHR2 in tilapia. *Scientific reports*, 4 (1), 7256.
- Ma, Q., Liu, S., Zhuang, Z., Lin, L., Sun, Z., Liu, C., y Tang, Q. (2012). Genomic structure, polymorphism and expression analysis of the growth hormone (GH) gene in female and male Half-smooth tongue sole (*Cynoglossus semilaevis*). *Gene*. 493: 92-104.

- Magallon-Barajas, F.J., Villarreal-Colmenares, H., Arcos-Ortega, F., Civera-Ceracedo, R., Cruz-Hernández, P. (2007). Desarrollo Sustentable de la Acuicultura en México. Publicaciones especiales del Centro de investigaciones Biológicas de Noroeste S.C, Cámara de diputados, LX Legislatura. México: 264.
- Mancera, J. y McCormick, S. (1998). Osmoregulatory actions of the GH/IGF axis in non-salmonid teleosts. *Comparative Biochemistry and Physiology Part B: Biochemistry and Molecular Biology*. 121(1): 43-48.
- Martínez, P. (2016). Genómica y Acuicultura: aplicaciones para la mejora de la producción de rodaballo. *Revista AquaTIC*. (37).
- Meyer, D. (2004). Introducción a la Acuicultura. Zamorano: Escuela Agrícola Panamericana, 2014. Recopilado el 27 de noviembre del 2022: <https://bdigital.zamorano.edu/items/b0337c95-0eac-4c71-ae9c-79aa5d994da3>
- Nickerson, D., Vicent, O. y Scott, L. (1997). PolyPhred: automating the detection and genotyping of single nucleotide substitutions using fluorescence-based resequencing. *Nucleic Acids Research*. 25(14): 2745-2751.
- Paniagua-Chávez, C., Ortiz-Gallarza, S., y Aguilar-Juárez, M. (2011). Subsistema Nacional de Recursos Genéticos Acuáticos: uso de la cría preservación para la conservación de los recursos genéticos acuáticos en México. *Hidrobiológica*. 21(3): 415-429.
- Ponce-Palafox, J.T., Soto, E., Meza, E. y Robles, F.J. (2018). La etapa de crecimiento lento de la acuicultura en Nayarit: aspectos económicos y sostenibilidad. *Revista mexicana sobre desarrollo social*: 1-12
- Ramensky, V., Bork, P., y Sunyaev, S. (2002). Human non-synonymous SNPs: server and survey. *Nucleic Acids Research*. 30(17): 3894-3900.
- Rocha, A., Ruiz, S., Estepa, A., y Coll, J. M. (2016). Biología molecular de los peces: Interés y aplicaciones. *Revista AquaTIC*. (15).
- Ruiz-Campos, G. (2012). Catálogo de peces dulceacuícolas de Baja California Sur, Instituto Nacional de Ecología Semarnat, (2012): 159
- Ruiz-Velazco, J., Tapia, V., García, R., Rosendo, J. y González, H. (2006). Evaluación de un cultivo semi-Intensivo de tilapia (*Oreochromis niloticus*) en tanques circulares con aguas termales. *Revista Electrónica de Veterinaria*. 7(11): 1-12.
- SAGARPA, (2015) Situación actual de la acuicultura en Tabasco, problemática y perspectivas de desarrollo a través de la innovación tecnológica: 128.
- SAGARPA, (2017). Avanza México como una potencia de producción acuícola. Comunicado de prensa: 2 (col 1). México.
- Sousa, M., Althayde, F., Maldonado, M., Lima, A., Fortes, M. y Lopes, F. (2021). Single nucleotide polymorphisms affect miRNA target prediction in bovine. *Plos one*. 16(4).
- Streelman, J. y Kocher, T. (2002). Microsatellite variation associated with prolactin expression and growth of salt-challenged tilapia. *Physiological Genomics*. 9(1): 1-4.
- Tang, Y., Lin, C., Chen, T., Kawauchi, H., Dunham, R., y Powers, D. (1993). Structure of channel catfish (*Ictalurus punctatus*) growth hormone gene and its evolutionary implications. *Molecular Marine Biology and Biotechnology*. 2(4): 198-206.
- Tanka, M., Tanangonan, J., Tagawa, M., De Jesus, E. Nishida, H., Isaka, M., y Hirano, T. (1995). Development of the pituitary, thyroid and interrenal glands and applications of endocrinology to the improved rearing of marine fish larvae. *Aquaculture*. 135(1-3): 111-126.
- Tao, W. y Boulding, E. (2003). Associations between single nucleotide polymorphisms in candidate genes and growth rate in Arctic charr (*Salvelinus alpinus* L.). *Heredity*. 91: 60-69.
- Toscano, C., y Campaña, M. (2009). Recursos genéticos de peces marinos de interés en acuicultura. In *Genética y genómica en acuicultura*. Fundación Observatorio Español de Acuicultura: 23-64.
- Vendeputte, M., Chevassus, B., Quillet, E., Krieg F., Hollebecq, M., Mambrini, M., y Fauré, A. (2004). Enhanced individual selection for selecting fast growing fish: the "PROSPER" method, with application on brown trout (*Salmon trutta fairo*). *Genetics Selection Evolution*. 36(6): 643
- Vignal, A. (2002). Review on SNP and other types of molecular markers and their use in animal genetics. *Genetics Selection Evolution*. 34: 275-305. doi:10.1186/1297-9686-34-3-275.

Wang, S., Sha, Z., Sonstegard, T. S., Liu, H., Xu, P., Somridhivej, B., y Liu, Z. (2008). Quality assessment parameters for EST-derives SNPs from catfish. *BMC Genomics*. 9: 1-11.

Watahiki, M., Yamamoto, M., Yamakawa, M., Tanaka, M., y Nakashima, K. (1989). Conserved and unique amino acid residues in the domains of the growth hormones: Flounder growth hormone deduced from the cDNA sequence has the minimal size in the growth hormone prolactin gene family. *Journal of Biological Chemistry*. 264(1): 312-316.

Yáñez, J., Houston, R. y Newman, S. (2014). Genetics and genomics of disease resistance in salmonid species. *Frontiers Genetics*. 5:1-13.

Yáñez, J., Newman, S. y Houston, R. (2015). Genomics in aquaculture to better understand species biology and accelerate genetic progress. *Frontiers in Genetics*. 6:1-3.

Yue, G. y Orban, L. (2001). Rapid isolation of DNA from fresh and preserved fish scales for polymerase chain reaction. *Marine Biotechnology*. 3(3): 199-204.

Zou, G., Zhu, Y., Liang, H. y Li, Z. (2015). Association of pituitary adenylate cyclase-activating polypeptide and myogenic factor 6 genes with growth traits in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). *Aquaculture International*. 23(5): 1217-1225.

Zou, L. y Liu, B. (2015). Identification of a Serum amyloid A gene and the association of SNPs with *Vibrio-resistance* and growth traits in the clam *Meretrix meretrix*. *Fish & Shellfish Immunology*. 43 (2): 301-309.

