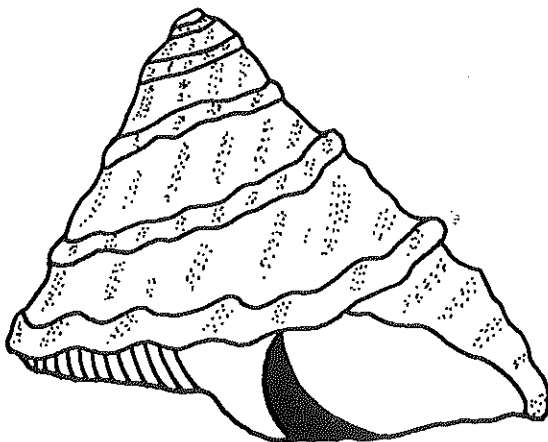


Universidad Autónoma de Baja California

FACULTAD DE CIENCIAS MARINAS

GENETICA DEL DEMO DE RINCON DE BALLENAS
DEL CARACOL Astraea undosa (WOOD,1828)
EN LA BAHIA DE TODOS SANTOS, B.C., MEXICO.



T E S I S
QUE PARA OBTENER EL TITULO DE
OCEANOLOGO
PRESENTA

LAURA OLIVIA MENDOZA AGUIRRE

Ensenada, Baja Cfa.

Dic. de 1989


" Genética del demo de Rincón de Ballenas del caracol
Astraea undosa (Wood, 1828) en la Bahía de Todos
Santos, B.C., México."

T E S I S
QUE PRESENTA:
LAURA OLIVIA MENDOZA AGUIRRE

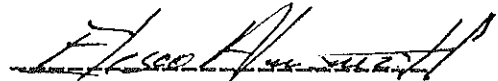
Aprobada por:



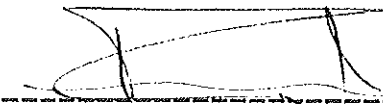
Presidente del Jurado
Dr. Jorge de la Rosa Vélez




Sinodal Propietario
M.C. Guillermo Torres Moye



Sinodal Propietario
Dr. Eliseo Almanza H.



Sinodal Suplente
Dr. Roberto Escobar



Sinodal Suplente
Dr. Antonio Almanza H.

RESUMEN

El análisis morfológico del demo del caracol Astraea undosa de Rincón de Ballenas, en la Bahía de Todos Santos, B.C., mostró diferencias en su estructura por clases de talla, en relación con el demo de Punta Banda, distante tan sólo 1 km de distancia. Para demostrar si estas diferencias pertenecen al dominio genético, se analizaron 13 loci génicos mediante un estudio electroforético, comparable a uno previo (Suárez Vázquez, 1989) efectuado en el demo de Punta Banda. Se detectó una alta similitud genética ($I=0.99 \pm 0.01$) que indica la compartición del mismo reservorio genético. No obstante, fue evidente la diferencia en distribución de los genotipos, así como de los niveles de variación genética. Se atribuyen las similitudes a la probabilidad de flujo génico en función de las características reproductivas de la especie, aunado al patrón de circulación de la Bahía de Todos Santos, y las diferencias a los regímenes selectivos de los distintos habitats ocupados por las poblaciones en comparación.

DEDICATORIA

A DIOS:

Por Todo

A mi padre Fidel:

Por su ejemplo, su amor y por su manera de ver siempre objetivamente la vida.

A mi madre Delfina:

Por sus consejos, su amor y sobretodo por ser la mejor de las amigas.

A los dos:

Por su apoyo incondicional, confianza y por el deseo de superación que los ha unido siempre.

A mis Hermanos:

José Antonio, Aida, Caludia, Enrique, Fidel y José Alonso.

Por todo el cariño que nos une.

A mi sobrino Carlos Alejandro:

Por la nueva felicidad que vino a dar a nuestra familia.

A Pepe:

Por su amor, su comprensión

AGRADECIMIENTOS

Al Dr. Jorge de la Rosa Vélez por su paciencia, por su apoyo incondicional, por el tiempo y ayuda que brindo para la realización de este trabajo.

Al M.C. Guillermo Torres Moya, Dc. Eliseo Almanza Heredia, Dc. Antonio E. Almanza Heredia y Dc Roberto Escobar Fernandez; por el tiempo dedicado y consejos brindados en la revisión de este escrito.

A todos los colaboradores del proyecto ASTRAEA

A Pepe, Carlos, Guillermo, Ernesto, Araceli y Roberto quienes colaboraron en el trabajo de campo y laboratorio.

A los directivos de la Facultad de Ciencias Marinas por las facilidades brindadas para trabajar en el centro de computo de Maestria.

A mis amigos de siempre: Geraldine, Sofia, Paulina, Luis Miguel, Edna, Mauricio, Olga, Aida, Pablo, Marela, Gustavo, Héctor y Emilio, por su amistad, por su cariño, por compartir todo lo bueno y malo de estos años conmigo siempre estaremos muy juntos.

Al cuerpo de salvavidas: Por el compañerismo y cariño pero sobretodo por haber compartido conmigo ese sentimiento, que muchos no entenderan.

A la Familia Alvarez Parrilla, por su amistad e incondicional ayuda de siempre.

A Guillermo Urbina su por valiosa ayuda en el desarrollo de este trabajo.

A mis maestros y compañeros de la XXVII generación.

A todas aquellas personas que directa e indirectamente ayudaron en la realización de este trabajo.

A todos muchas gracias.

INDICE

A LISTA DE TABLAS

B LISTA DE FIGURAS

1. INTRODUCCION.....	1
2. ANTECEDENTES.....	8
2.1 OBJETIVO.....	10
2.2 DESCRIPCION DEL AREA DE ESTUDIO.....	10
3. MATERIALES Y METODOS.....	13
3.1 MATERIAL BILOGICO.....	13
3.2 DATOS MERISTICOS.....	14
3.3 ELECCION DE TEJIDOS.....	14
3.4 PREPARACION DEL GEL.....	15
3.5 CARGADO DE GELES.....	17
3.6 ELECTROFORESIS.....	17
3.7 DURACION DE LA ELECTROFORESIS....	18
3.8 SISTEMAS ENZIMATICOS.....	20
3.9 FORMULAS DE TINCION.....	21
4. NOMENCLATURA.....	28
4.1 INTERPRETACION DE ZIMOGRAMAS....	28
4.2 METODOS ESTADISTICOS.....	29
5. RESULTADOS.....	32
6. DISCUSIONES.....	40
7. CONCLUSIONES.....	47
8. LITERATURA CITADA.....	48
9. GLOSARIO DE TERMINOS	

A

LISTA DE TABLAS

Tabla	Pag.
I Sistemas amortiguadores utilizados en en los ensayos electroforéticos.....	16
II Tiempos, voltajes y corrientes pro- ducidos en los ensayos electroforéticos para cada amortiguador.....	19
III Sistemas amortiguadores que se utiliza- ron en la resolución de los sistemas ensayados y el número de loci expresados para cada sistema enzimático. Hp= Hepato- páncreas, B= Branquia.....	22
IV Frecuencias alélicas en 7 loci poli- mórficos encontrados en la población de <u>Astraea undosa</u> en Rincón de Ba- llenas, B.C. N es el número de genes, Ho es la frecuencia observada de hete- rocigotos, He es la frecuencia esperada de heterocigotos. Datos de la prueba de bondad de ajuste de "Ji" cuadrada.....	34
V Loci, alelos y frecuencias alélicas comunes, encontradas entre las poblaciones locales de Rincón de Ballenas y Punta Banda Ho y He son heterocigosis observada y espe- rada encontradas en ambas poblaciones....	36
VI Valores de similitud (I) y distan- cia genética (D) en las poblaciones de <u>Astraea undosa</u> en Punta Banda (A) Rincón de Ballenas (B). I y D fueron calculadas según la Ecuación de Nei (1972)	39

B

LISTA DE FIGURAS

FIGURA		Pag
1	Estructura por clases de talla, observados en una población de <u>Astraea undosa</u> en Rincón de Ballenas, B.C., México en agosto de 1987.....	3
2	Estructura por clases de talla, observados en una población de <u>Astraea undosa</u> en Punta Banda, B.C., México, en septiembre de 1987.....	5
3	Localización del área de estudio.....	12
4	Estructura por clases de talla, observados en una población de <u>Astraea undosa</u> en Rincón de Ballenas, B.C., en marzo de 1989.....	33

1. INTRODUCCION

Baja California con su gran extensión latitudinal y sus variados patrones climáticos posee un ambiente marino tan diverso como casi ninguna región en el mundo.

Sus costas abarcan una extensión de 2,200. Km los cuales presentan el 25.7% del litoral total nacional, sin embargo, puede considerarse que el aprovechamiento de gran parte de sus recursos es incipiente y parcial (Robles Gil, 1982 citado en Romero-Romero, 1989).

Los moluscos ocupan un lugar importante dentro de estos recursos y algunos de ellos se presentan en grandes cantidades, por tanto son susceptibles de ser aprovechados

Entre ellos se encuentra el caracol Astraea undosa (Wood, 1828) que se perfila como una especie con potencial económico pesquero (Baqueiro et al., 1982), y que está adquiriendo una creciente importancia a nivel regional. Por este motivo se hace necesario generar información básica sobre su biología (Becerril-Bobadilla, 1988). Con el propósito de contribuir al conocimiento y aprovechamiento óptimo de dicha especie, está en marcha en la Facultad de Ciencias Marinas el proyecto "Evaluación integral de los

recursos con potencial económico de la costa oeste de Baja California: el caracol Astraea undosa", cuyo objetivo es investigar los aspectos fundamentales de la especie con el fin de sugerir las mejores estrategias de manejo y protección (Bacerril-Bobadilla, 1988; Robledo-Ramírez, 1988; Romero-Romero, 1989). Dentro de dicho proyecto se ha incorporado la genética de poblaciones como otro enfoque que contribuye a evaluar la capacidad de utilización del recurso (Rosa-Vélez, 1986). Otra de las áreas de estudio se refiere a la ecología de las poblaciones. La investigación en progreso ha involucrado observaciones y colectas mensuales en un demo de la Bahía de Todos Santos, denominado Punta Banda.

Al llevar a cabo los muestreos de caracoles en el mes de agosto de 1987, la muestra obtenida se perdió. Esto originó que un nuevo muestreo se llevara a cabo con la finalidad de reponer la muestra perdida, en una zona de fácil acceso. Esta zona corresponde a una localidad intermareal denominada Rincón de Ballenas, ubicada en la misma Bahía de Todos Santos. En la colecta se obtuvo una muestra de 60 organismos los cuales presentaron una estructura por clases de talla con una media= 47.76 ± 6.14 mm, mediana= 40.05 mm y una moda= 51.15 mm (Fig 1).

La colecta del mes de septiembre del mismo año se realizó de la manera acostumbrada en el sublitoral de Punta

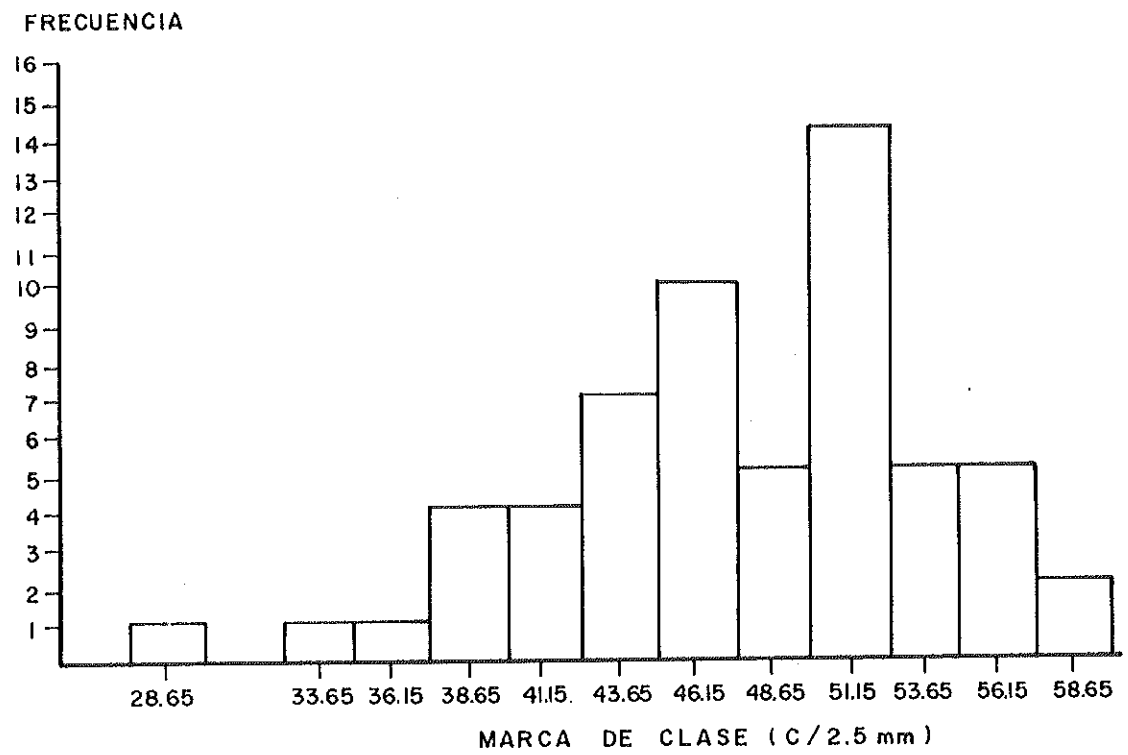


FIG. 1.- ESTRUCTURA POR CLASES DE TALLA, OBSERVADOS EN UNA POBLACION DE *Astraea undosa*, EN RINCON DE BALLENAS, B.C., MEXICO EN AGOSTO DE 1987.

Banda. La estructura por clases de talla que presentó dicha muestra fue diferente a la de Rincón de Ballenas y cuyas medidas estadísticas fueron una media= 64.89 ± 7.7 mm, mediana= 60.60 mm y una moda= 71.15 mm (Fig 2).

Esta diferencia en estructura por clases de talla entre las poblaciones mencionadas, distantes entre sí solamente 1 Km, dió origen a la realización de este estudio que tiene como objetivo comprobar si estas diferencias entre las poblaciones locales del caracol Astraea undosa de Rincón de Ballenas y Punta Banda son debidas a causas genéticas, con base en los siguientes argumentos:

Los cambios evolutivos tienen lugar en las poblaciones y no en los individuos. Por otra parte, la constitución genética de una población puede cambiar en el tiempo debido a los procesos de mutación, migración, deriva génica y selección natural (Dobzhansky et al., 1983).

Las mutaciones son cambios que se producen en el material hereditario y que no se deben a recombinaciones genéticas ni a la segregación independiente de los cromosomas que es característica del proceso sexual. Son espontáneas debido a agentes diversos que se presentan con una regularidad natural; algunos provocan variabilidad morfológica, otros dan lugar a cambios en el comportamiento

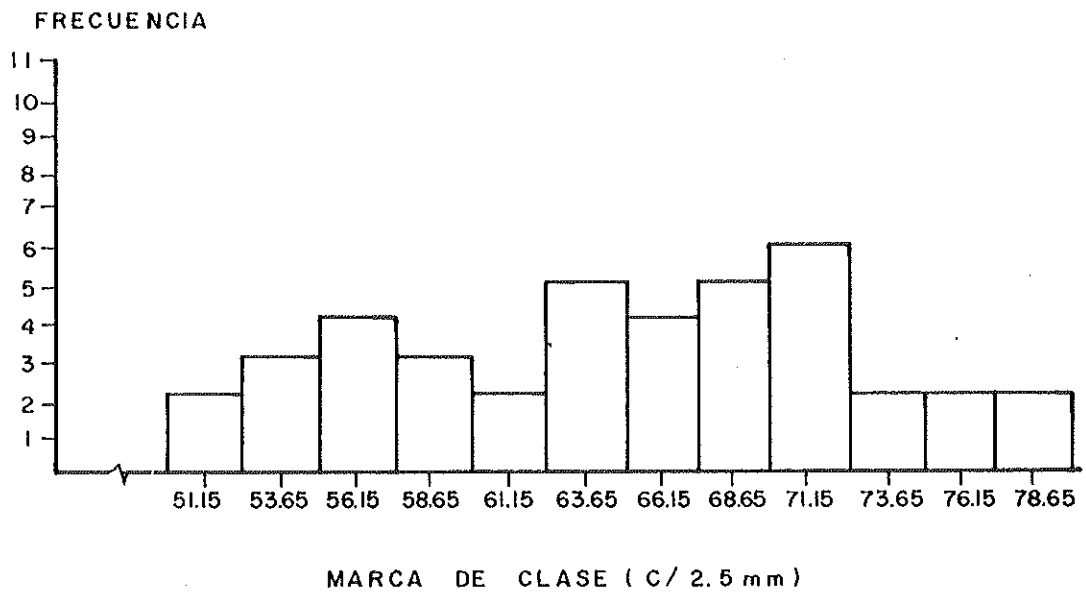


FIG. 2 - ESTRUCTURA POR CLASES DE TALLA, OBSERVADOS EN UNA POBLACION DE Astraea undosa EN PUNTA BANDA, B. C., MEXICO, EN SEPTIEMBRE DE 1987.

o modifican la viabilidad, la fertilidad o la velocidad de desarrollo de los individuos que la presentan (Dobzhansky, op. cit.). Se considera a la mutación como la fuente de variabilidad genética.

Por otro lado, dependiendo de la historia de vida de los organismos que componen la especie, estos pueden establecer un flujo génico entre las subpoblaciones o demos de que consta ésta a lo largo de su distribución geográfica. Este flujo se establece con base en procesos migratorios en fase larval o adulta. En aquellos gasterópodos con fase larval planctónica, es factible suponer una amplia dispersión en función de la abundancia de larvas y su tiempo de estadía en el plancton, así como de la intensidad y patrón circulatorio de las corrientes oceánicas en el área de ocupación específica. La distribución de los alelos en el reservorio genético de la especie estará fuertemente influida por la tasa de migración, aunque el éxito del establecimiento del flujo génico está subordinado, muy probablemente, a las presiones selectivas del medio a donde se dirigen los migrantes (Hedgecock, 1986).

La selección natural es el proceso fundamental que dirige los cambios evolutivos, esta sólo puede darse si hay variabilidad hereditaria; cuanto mayor sea la variabilidad genética más oportunidad tendrá la selección natural de

actuar (Dobzhansky et al., 1983). La selección natural actúa en el reclutamiento de larvas pelágicas inmigrantes de invertebrados marinos, antes del apareamiento de gametas residentes con inmigrantes cuando se realiza una migración (Hedgecock, 1986).

Por último, la deriva génica puede diversificar un conjunto de poblaciones inicialmente idénticas desde el punto de vista genético, con la condición de que estén aisladas, y que no intervenga la selección natural. La variable principal la constituye el tamaño efectivo de población N ; a tamaños menores de población, la varianza del muestreo en el evento reproductivo es lo que provoca la modificación de las frecuencias alélicas estocásticamente, con el resultado final de la fijación o la pérdida de variantes en la población (Dobzhansky et al., 1983).

2. ANTECEDENTES

El caracol Astraea undosa, mejor conocido como caracol "panocha", se distribuye desde Punta Concepción (Santa Barbara , CA. E. U.), a Punta Abreojos B.C.S. (México) (Morris et al., 1983). Habita predominantemente en sustratos rocosos desde la zona intermareal, hasta profundidades de 25 metros; no obstante, las mayores densidades se encuentran entre los 3 y 6 metros (Becerril-Bobadilla, 1988).

El caracol Astraea undosa es un organismo oviparo de fecundación externa que presenta estadios larvarios característicos de los moluscos (trocófora, veliger y pediveliger). El 7.7 % de los organismos con talla promedio de 23.25 mm de altura muestran madurez sexual, y se ha registrado que los desoves masivos ocurren durante septiembre/octubre en la población de la Bahía de Todos Santos, B.C. (Rosa-Vélez et al., 1988 citado por Suárez Vázquez, 1989).

Los especímenes pueden llegar a medir hasta 110 mm tanto de diámetro de la base como en altura. Tienen una concha calcárea que presenta orillas ondulantes bien definidas en toda la superficie. La base de la concha es plana con líneas en espiral conspicuas, su periostraco es café. El opérculo presenta núcleos laterales y aristas

dentadas y fuertes (Morris et al., 1983). Es una especie herbívora que se alimenta preferentemente de diatomeas bentónicas y algas juveniles (Aguilar Rosas, en preparación).

Suárez Vázquez (1989), probó 6 sistemas amortiguadores para la resolución electroforética en gel de almidón de 14 sistemas enzimáticos. Los niveles de variación genética fueron determinados para la población del caracol Astraea undosa localizada en Punta Banda mediante el análisis de 25 loci en los cuales la proporción de loci polimórficos fue de 0.40. La heterocigosis por individuo mostró intervalos de 0.055 a 0.200 y la heterocigosis por locus de 0.029 a 0.629. Concluyó que el caracol Astraea undosa presentó baja heterocigosis media debido a sus características biológicas como son la talla y homeostasis relativamente alta.

En función de las diferencias ambientales propias de cada hábitat (intermareal vs. sublitoral), y asumiendo, con alta probabilidad, el establecimiento de un flujo génico entre los demos de Punta Banda y Rincón de Ballenas, esperamos encontrar un alto porcentaje de genes que hacen una estructura (reservorio genético) entre ambas poblaciones, aunque, muy probablemente existen diferencias en el nivel de variabilidad, que obedecen a estrategias genéticas adaptativas diferenciales respecto a los diferentes regimenes ambientales planteados.

2.1 OBJETIVO

Comprobar si las diferencias en la estructura por clases de talla entre las poblaciones locales del caracol Astraea undosa en Punta Banda, B.C. y Rincon de Ballenas, B.C., son debidas a causas genéticas.

2.2 DESCRIPCION DEL AREA DE ESTUDIO

La Bahía de Todos Santos se localiza a 100 km. de la frontera de México con E.U., sobre la costa oeste de B.C., entre los $31^{\circ}40'$ y $31^{\circ}56'$ de latitud norte y los $116^{\circ}36'$ y $116^{\circ}50'$ de longitud oeste. Se encuentra limitada al norte por Punta San Miguel y al sur por Punta Banda y las Islas Todos Santos, su superficie es de unas 24,000 hectáreas. (Secretaría de Marina, 1974).

Rincón de Ballenas, el área de estudio se encuentra en la costa sureste de la Bahía dentro de la zona ubicada entre Punta Banda y el Estero de Punta Banda, es semiprotegida y con oleaje débil. (Olson Ocampo, 1981).

Se cataloga como costa de escasa pendiente, compuesta de cantos rodados, arena gruesa y plataforma de roca sedimentaria como base. Conforme aumenta la profundidad, el

perfil submarino se torna más inclinado y está compuesta por macizo rocoso de roca ignea y abundante crecimiento algal (Olson Ocampo, op. cit.).

La variación anual de temperatura superficial es de 5.5°C , y las máximas temperaturas, con un promedio de 20°C , se presentan en el mes de agosto, y las mínimas, alrededor de 14°C , en marzo. La salinidad dentro de la Bahía muestra una distribución bastante uniforme a lo largo del año y presenta un valor aproximado de 33.4% en el invierno y 33.7% en primavera-verano. La mayor parte del año es una zona de baja energía, con excepción del invierno que presenta un periodo de alta energía con duración de aproximadamente 1 mes (Fig 3) (Díaz Díaz, 1983) .

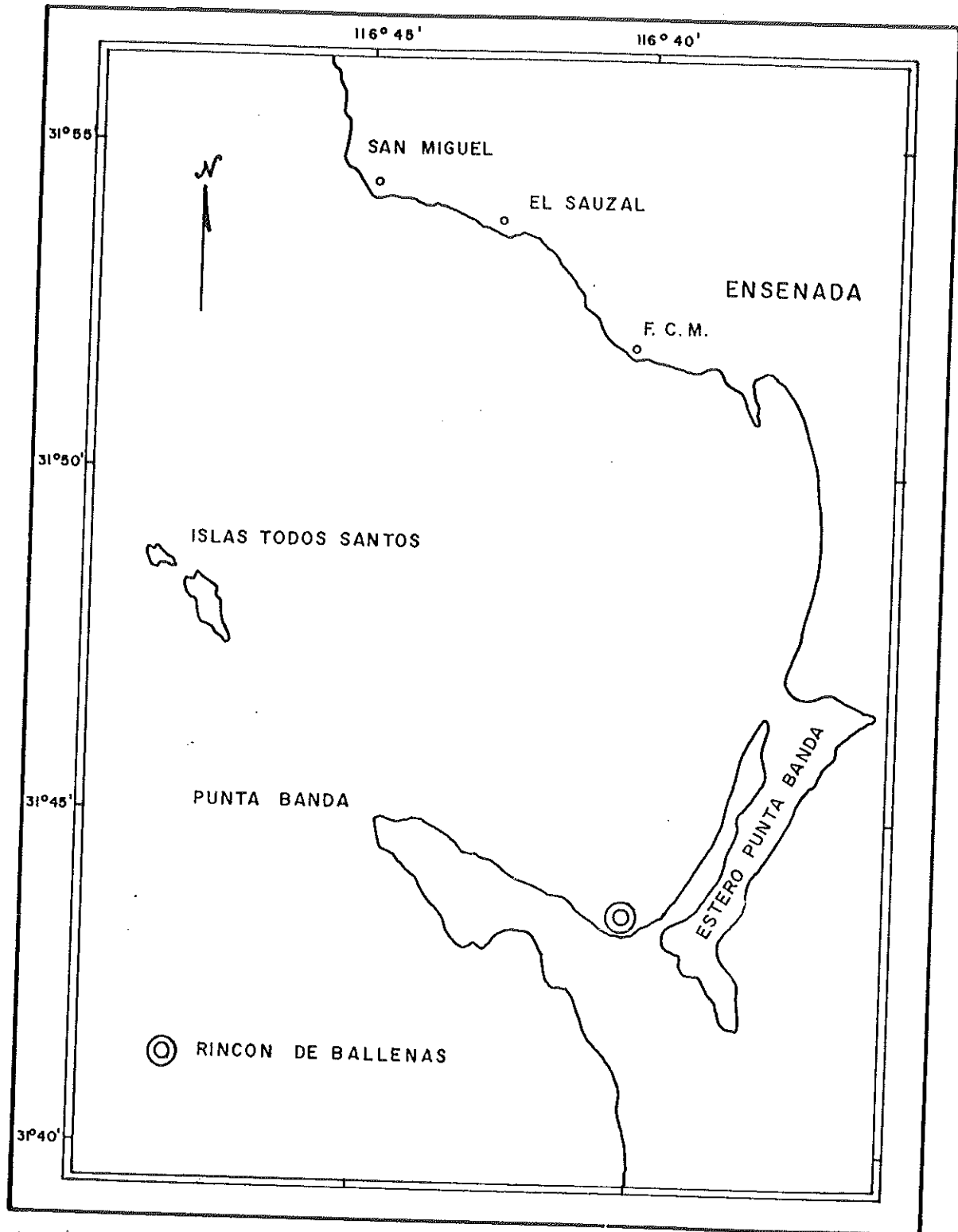


FIG. 3 - LOCALIZACION DEL AREA DE ESTUDIO (TOMADO DE DIAZ, 1983).

3. MATERIALES Y METODOS

3.1 MATERIAL BIOLÓGICO

Los organismos utilizados durante el estudio fueron caracoles de la especie Astraea undosa colectados en marzo de 1989 en el sitio denominado Rincón de Ballenas (Fig 3). La colecta se llevó a cabo en la zona intermareal mediante un muestreo aleatorio en el cual, según las características topográficas del lugar se fijaron siete transectos perpendiculares a la playa. Cada transecto, en dirección paralela a la playa, midió 2 metros de ancho por 50 de largo.

Se logró obtener manualmente la muestra de aproximadamente 100 organismos, los cuales fueron transportados vivos, en una bolsa de malla, hasta la Facultad de Ciencias Marinas, donde se colocaron inmediatamente en un pequeño estanque. Se mantuvieron vivos con flujo constante de agua de mar y aereación. Se alimentaron con trozos del alga parda Macrocystis pirifera hasta el momento de llevar a cabo su sacrificio.

3.2 DATOS MERISTICOS

De cada organismo, se obtuvo la medida de : diametro mayor de la base mediante un vernier.

3.3 ELECCION DE TEJIDOS

Con base en estudios realizados por Suárez Vázquez (1989), los tejidos seleccionados para trabajar fueron el hepatopáncreas y la branquia, ya que presentaron relativa facilidad para ser homogenizados, además de la cantidad de sistemas enzimáticos que se resuelven bien en los zimogramas.

Ya obtenidos los tejidos, fueron homogenizados en un mortero que se mantuvo siempre en hielo y al que se le agregaron de 5 a 10 gotas de amortiguador Tris-HCl 0.1 M, pH 7.0, que también se mantuvo frío (la cantidad de amortiguador que se añadió dependió de la cantidad de tejido en cada organismo). La elección del amortiguador se hizo en función de los resultados obtenidos en experimentos realizados por Buroker et al., (1975).

Cuando los tejidos estuvieron homogenizados, el contenido de los morteros fue vaciado en tubos de centrifuga, para ser centrifugados durante 20 minutos a 3000 rpm en una centrifuga (IEC HN- S II). El sobrenadante se vertió en tubos previamente etiquetados y se sellaron con papel parafilm. Posteriormente, se congelaron a 20° C hasta el momento en que se utilizaron para los ensayos electroforéticos.

3.4 PREPARACION DEL GEL

Para la preparación de los geles se utilizó almidón hidrolizado (Sigma Chemical Co), preparado al 12% con el amortiguador correspondiente para cada sistema enzimático. Se aplicaron 3 de los sistemas amortiguadores utilizados para el análisis de los diferentes sistemas enzimáticos, según Suárez Vázquez (1989) (Tabla I).

La preparación del gel se efectuó suspendiendo la cantidad adecuada de almidón en el amortiguador correspondiente. Se calentó agitando constante y vigorosamente hasta que la viscosidad descendió bruscamente (aproximadamente a los 80 grados centígrados).

TABLA I.- Sistemas amortiguadores utilizados en los ensayos electroforéticos.

SISTEMA B

ELECTRODO		GEL	
ac. bórico	18.2 g	Tris	9.21 g
hidróxido de sodio	2.4 g	ac. cítrico	0.96 g
agua destilada	1000.0 ml	agua destilada	1000.0 ml
pH= 8.1		pH= 8.65	

SISTEMA C

Tris	10.54 g	El mismo del electrodo
ac. bórico	0.54 g	
EDTA	0.42 g	
agua destilada	1000.00 ml	
pH= 9.1		pH= 9.1

SISTEMA D

Tris	60.57 g	Tris	6.057 g
ac. bórico	39.88 g	ac. bórico	6.000 g
EDTA	6.66 g	EDTA	0.670 g
agua destilada	1000.00 ml	agua destilada	1000.000 ml
pH= 8.0		pH= 8.0	

El aire contenido en el gel se eliminó mediante vacío, hasta que las burbujas grandes desaparecían totalmente (aproximadamente 20 segundos). El gel se vertió inmediatamente a una charola de acrílico de 20x20x0.9 cm el gel se cubrió con papel autoadherente para evitar la evaporación, y se dejó enfriar a temperatura ambiente por 2 horas, aproximadamente.

3.4 CARGADO DE GELES

El cargado de los geles con las muestras consistió en empapar pequeñas mechas (0.9 x 0.4 cm) de papel filtro Whatman #3 con cada una de las muestras (hepatopáncreas y/o branquia, dependiendo del sistema con el que se fuera a trabajar) e insertarlas en la cara expuesta hacia el ánodo en una previa insición hecha a 5 cm del extremo catódico del gel.

3.6 ELECTROFORESIS

Las electroforesis en placa horizontal se llevaron a cabo en cubas de acrílico con electrodos de platino. Para efectuar el desplazamiento en un campo eléctrico se utilizó

una fuente de poder de alto voltaje (Buchler 3-1500).

Debido a la cantidad de muestras de que se dispuso se utilizaron 2 cubas en paralelo a la misma fuente de poder en todos los ensayos. La corriente y los tiempos de electroforesis para cada sistema amortiguador variaron según el voltaje requerido (Tabla II).

Las placas con los geles, cargados con las mechas empapadas con extracto, fueron colocadas en las cubas de electroforesis a las que previamente se agregaron 450 ml del amortiguador, por electrodo. El gel hizo contacto con el amortiguador mediante mechas de papel filtro Whatman #1 (9 x 24 cm.). Cada cuba se conectó a la fuente de poder por espacio de 15 minutos, con el voltaje específico para cada sistema. Así, las proteínas del extracto se incorporaron al gel. Transcurridos los 15 minutos, las mechas se retiraron y las dos secciones del gel se unieron fuertemente, cubriendo el gel con papel autoadherente.

Finalmente, se colocaron charolas con hielo sobre cada gel para evitar la evaporación por calentamiento.

3.7 DURACION DE LA ELECTROFORESIS

La electroforesis corrió hasta el tiempo en que el colorante pista (azul de bromofenol al 0.002%), que fue aplicado a la última mecha de cada gel, alcanzó la mecha de

**TABLA II.- Tiempos, Voltajes y Corrientes producidas
en los ensayos electroforeticos para cada
sistema amortiguador**

SISTEMA AMORTIGUADOR	VOLTAJE APLICADO (V)	CORRIENTE PRODUCIDA (mA)		TIEMPOS DE ELECTROFORESIS (Horas)
		I	F	
B	300	65	80	4
C	450	25	50	6
D	250	40	45	4

contacto con el ánodo. Cada placa con gel permitió el ensayo de hasta 25 organismos.

Al término de la electroforesis se retiró la placa de la cuba y se obtuvieron hasta 5 rebanadas (dependiendo del espesor del gel) de 2 mm de espesor por medio de una cuerda de guitarra tensada en un marco de acrílico.

Ayala et al., (1973) menciona que es conveniente descartar la primera rebanada en los ensayos electroforéticos descartando así posibles efectos de superficie que afecten la resolución.

Una vez obtenidas cada una de las rebanadas, se colocaron en charolas de plástico, a las que se les agregó la mezcla de tinción histoquímica, correspondiente al sistema enzimático que se deseaba revelar.

Los electrofoxeogramas obtenidos así, son el resultado de la reacción de la enzima presente en el gel con su sustrato específico, cofactores, coenzima, un amortiguador al pH óptimo de la enzima y un colorante que detecta el sitio de reacción (Ayala y Kiger, 1984)

3.8 SISTEMAS ENZIMATICOS

Los sistemas enzimáticos ensayados se eligieron con base en los experimentos realizados por Suárez Vázquez (1989), y los realizados preliminarmente en

laboratorio. En el presente estudio se trabajó con los que brindaron mejor resolución al aplicarse el amortiguador específico para cada sistema enzimático en particular. (Tabla III). Los sistemas enzimáticos fueron:

Aspartato amino transferasa	(Aat)
Enzima mállica	(Em)
Esterasas	(Est)
Glutamato deshidrogenasa	(Gdh)
Leucil amino peptidasa	(Lap)
Malato deshidrogenasa	(Mdh)
Superóxido dismutasa	(Sod)

Para el desarrollo de los zimogramas (ver más adelante) de cada sistema enzimático, se aplicaron diferentes fórmulas de tinción, las cuales se describen a continuación:

3.8 FORMULAS DE TINCION

Aspartato amino transferasa (Aat)

a) Solución sustrato, pH 7.4

0.146 g de ac. alfa-cetoglutárico

0.532 g de ac. L-aspartico

2.000 g de polivinil pirrolidona

0.200 g de Na₂ EDTA

5.680 g de Na₂ HPO₄

200 ml de agua

TABLA III.- Sistemas amortiguadores que se utilizaron en la resolución de los sistemas ensayados y el número de loci expresados para cada sistema enzimático.
 Hp= Hepatopancreas; B= Branquia.

SISTEMA ENZIMÁTICO. SISTEMA AMORTIGUADOR. TEJIDO. # LOCI

Aat	C	B	2
En	B	Hp	1
Est	C	B	4
Gdh	C	B	1
Lap	D	Hp+B	2
Mdh	C	B	1
Sod	B	Hp	2

b) Teñir con:

50 ml de la solución sustrato

250 mg de azul rápido BB

50 ml de agua destilada

c) Incubar a temperatura ambiente y en oscuridad hasta que las manchas azules sobre fondo rosa aparezcan.

d) Lavar y fijar con una solución de: ©

~~Enzima mállica~~ (Em)

a) Solución sustrato, pH 7.0

Ac. L-málico 13.4 gr

carbonato de sodio 2M 49.0 ml

Agua destilada 51.0 ml

Disolver el ac. L-málico en agua. Agregar lentamente la solución de carbonato de sodio 2M mientras se agita en una charola con hielo.

b) Teñir con:

5 ml de la solución sustrato

20 mg de NADP+

20 mg de NBT

 © 150 ml de alcohol metílico
 50 ml de ácido acético
 300 ml de agua destilada

10 mg de PMS

1 ml de solución de cloruro de magnesio al 10%

20 ml de Tris-HCl 0.1 M, pH 8.4

75 ml de agua destilada

c) Incubar a temperatura ambiente y en oscuridad hasta que las bandas azules aparezcan.

d) Lavar y fijar @

Esterasas (Est)

a) Teñir con:

30 mg alfa-naftilacetato

30 mg beta-naftilacetato

1.5 ml acetona

100 mg azul rápido BB

10 ml Tris-HCl 0.5 M, pH 7.1

87 ml agua destilada

b) Incubar a temperatura ambiente y en oscuridad hasta que las bandas de color café sobre fondo ligeramente morado aparezcan.

c) Lavar y fijar @

Glutamato deshidrogenasa (Gdh)**a) Solución sustrato, pH 7.0**

4.25 g de glutamato de sodio

100 ml de solución amortiguadora de fosfatos 0.5M, pH 7.0

b) Tefix con:

5 ml de solución sustrato

50 mg de NAD⁺

30 mg de NBT

2 mg de PMS

2.5 ml de solución de fosfatos 0.5M pH 7.0

70 ml de Agua destilada

c) Incubar a temperatura ambiente y en oscuridad**d) Lavar y fijar****Leucil amino peptidasa (Lap)****Mezcla A+B****A) Tris 24.2 g**

ácido maléico 23.2 g

agua destilada 1000.0 ml

B) hidróxido de sodio 0.2M 26 ml

Combinar 50 ml de A más 26 ml de B en 200 ml de

agua.

a) Tefix con:

50 ml de Mezcla A+B

50 mg de Sal Negra K

20 mg de L-leucil beta-naftilamida

50 ml agua destilada

b) Incubar a temperatura ambiente y en oscuridad hasta que aparezcan las manchas.

c) Lavar y fijar

Malato deshidrogenasa (Mdh)

a) Solución sustrato, pH 7.0

Misma utilizada para la enzima mállica (Em)

b) Tefix con:

10 ml de sustrato MDH

50 mg de NAD+

30 mg de NBT

2 mg de PMS

10 ml de Tris-HCl 0.1M, pH 7.0

75 ml de agua destilada

c) Incubar a temperatura ambiente y en oscuridad hasta que aparezcan las bandas azules.

d) Lavar y fijar

Superóxido dismutasa (Sod)

Aparece ante la sobreexposición de Mdh, como bandas blancas sobre fondo azul.

4. NOMENCLATURA

El alelo más común que se presentó en cada locus se designó como 100. Los demás alelos que se presentaron se nombraron en relación a ese estándar, sumando o sustrayendo de 100 el número de milímetros de distancia relativa que los electromorfos difieren en movilidad. (Ayala et al., 1973).

Las frecuencias electromórficas se tradujeron en frecuencias alélicas y se habla de frecuencias genotípicas correspondientes a modelos electroforéticos, entendiendo que los alelos designados, por las limitaciones de la técnica, pueden corresponder a grupos de isoalelos (Selander, 1980; Rosa-Vélez, 1986).

4.1 INTERPRETACION DE ZIMOGRAMAS

El término zimograma en gel de almidón se refiere a un patrón de bandas coloreadas resultante de la combinación de técnicas electroforéticas en el gel con métodos de tinción histoquímica, para identificar enzimas en extractos de tejidos (Hunter y Marker, 1957), cuyos fenotipos resultantes son zonas de actividad enzimática denominados electromorfos.

Al tener expresión de más de un locus génico en el zimograma se diferenciò entre estos, cuando la variación de los fenotipos resultantes era independiente entre ambas zonas de actividad.

4.2. METODOS ESTADISTICOS

Se aplicaron una serie de estimadores estadísticos para evaluar la variabilidad genética, la normalidad de los datos y la similitud genética interpoblacional. Estos se relacionan a continuación:

1) Promedio de los organismos heterocigotos:

Se calculó promediando sobre todos los loci estudiados, la proporción de individuos que resultaron heterocigotos para cada locus.

2) Promedio de loci heterocigotos por individuo:

Se calculó promediando sobre todos los organismos estudiados, la proporción de loci en los que resultó heterocigoto cada individuo.

3) Heterocigosis Esperada (H_e):

Se estimó a partir de las frecuencias alélicas $H_e = 1 - (f_a, f_b, f_c, \dots, f_n)$ donde: $f_a, f_b, f_c, \dots, f_n$ son las frecuencias de los alelos segregados en cada locus (Ayala y Kiger, 1984).

4) Polimorfismo de la población:

El polimorfismo se calculó como la razón de los loci polimórficos entre los loci estudiados aplicando el criterio de considerar polimórfico a todo aquel locus cuyo alelo más común tuviese una frecuencia \leq a 0.95 (Dobzhansky et al., 1983).

5) Prueba de bondad de ajuste de "Ji" cuadrada:

Se aplicó la prueba de bondad de ajuste "Ji" cuadrada para probar si las frecuencias genotípicas observadas se encontraban dentro del equilibrio de Hardy-Weinberg. Los grados de libertad fueron dados por $(G-A)$ donde G es el número de clases genotípicas y A es el número de alelos (Crow y Kimura, 1970).

6) Prueba de normalidad de Kruskal-Wallis:

Se aplicó la prueba de Kruskal Wallis, para comparar la distribución de las tallas de los organismos de los datos obtenidos en Punta Banda y Rincón de Ballenas (Sokal y Rohlf, 1981).

7) Similitud y distancia genética de Nei:

Las diferencias interpoblacionales encontradas entre la población de Rincón de Ballenas y Punta Banda se calcularon por medio de la ecuación de distancia genética de Nei (1972). Este método relaciona de manera sencilla el coeficiente de endogamia de Wright y el coeficiente de parentesco de Malecot, para dar una estimación de la identidad normalizada de los genes entre las 2 poblaciones antes mencionadas.

$$I_k = \frac{\sum a_i^2 \sum b_i^2}{\sqrt{\sum a_i^2 \sum b_i^2}}$$

I_k es la similitud genética interpoblacional en el locus k y b_i y a_i son todos los alelos de las poblaciones B y A en el locus k .

La similitud genética interpoblacional se evaluó a partir de 11 loci génicos, por lo que I_{ab} , I_a e I_b son las medias aritméticas para todos los loci de $\sum a_i$, $\sum b_i$, $\sum a_i^2$ y $\sum b_i^2$ respectivamente, entonces:

$$I = \frac{I_{ab}}{\sqrt{I_a I_b}}$$

La distancia genética, D es igual a : $D = - \ln I$.

5. RESULTADOS

La muestra de caracoles de Rincón de Ballenas correspondiente a marzo de 1989 presentó una estructura por clases de talla muy similar al encontrado en agosto de 1987. La distribución de los valores merísticos de media= 50.85 ± 5.02 mm, mediana= 58.90 mm y moda= 48.65 mm (Fig 4).

La prueba de Kruskal Wallis para el análisis de las distribuciones por clases de talla entre Rincón de Ballenas y Punta Banda presentó diferencias estadísticamente significativas ($P < 0.05$).

De los 13 loci analizados 6 fueron monomórficos (Aat-1, Est-1, Est-4, Gdh-1 Lap-1 y Sod-3). La Tabla IV muestra los 7 loci polimórficos encontrados en la población de Rincón de Ballenas, B.C., (Aat-2, Em-1, Est-2, Est-3, Lap-2, Mdh-2 y Sod-2); en la misma Tabla se muestra la heterocigosis observada y esperada de los loci polimórficos. El valor de la heterocigosis observada promedio fue de 0.169 ± 0.06 y el de la heterocigosis esperada promedio fue de 0.155 ± 0.05 . Existe un aparente exceso de heterocigotos; al aplicar la prueba de bondad de ajuste de "Ji" cuadrada ("Ji" cuadrada= 0.014) se evidenció que no existen diferencias significativas entre las heterocigosis observada y esperada demostrando así que la población se encuentra en equilibrio genético. El

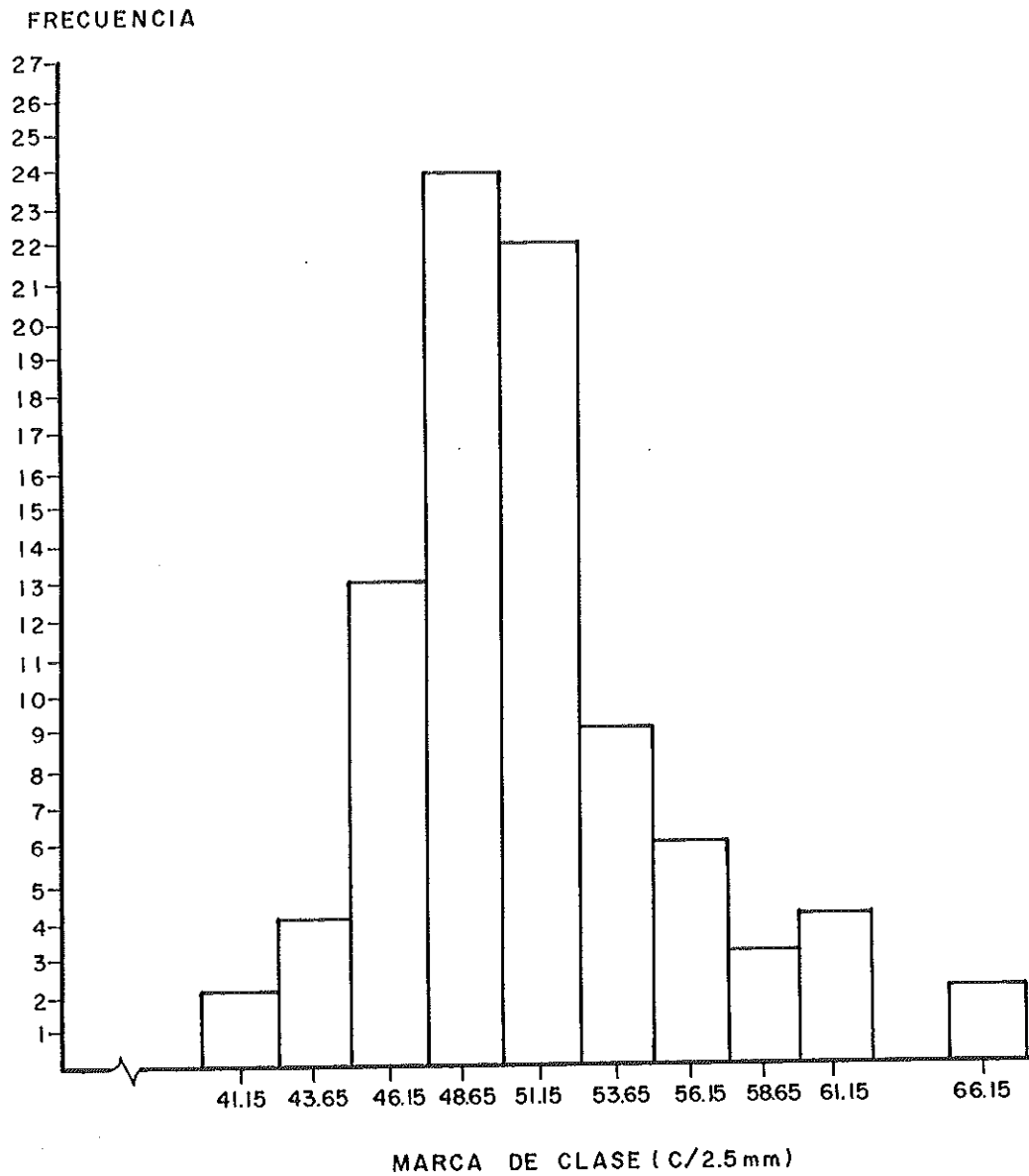


FIG. 4 - ESTRUCTURA POR CLASES DE TALLA, OBSERVADOS EN UNA POBLACION DE Astraea undosa, EN RINCON DE BALLENAS, B.C., MEXICO EN MARZO DE 1989.

TABLA IV.- Frecuencias alélicas en 7 loci polimórficos encontrados en la población de *Astraea undosa*, en Rincón de Ballenas, B.C..

N es el número de genes, Ho= es la frecuencia de heterocigotos observados, He= es la frecuencia de heterocigotos esperada. Ji cuadrada= Datos obtenidos al aplicar la prueba de bondad de ajuste, G.L= (G-A), donde G= Genotipos , A= Alelos.

LOCUS	ALELO	N	F	Ho	He	Ji
Aat-2	104	60	0.06	0.5660	0.4363	4.27
	102		0.22			
	100		0.72			
Ew-1	105	172	0.03	0.0580	0.1113	62.76 ***
	102		0.03			
	100		0.94			
Est-2	102	82	0.06	0.1219	0.1145	0.17
	100		0.94			
Est-3	104	122	0.02	0.4901	0.3992	35.46 ***
	102		0.11			
	100		0.76			
	98		0.07			
	96		0.02			
Lap-2	103	100	0.01	0.4222	0.4001	5.83
	102		0.18			
	100		0.75			
	99		0.06			
Mah-2	100	178	0.00	0.4044	0.3422	5.72
	98		0.08			
	96		0.12			
Sod-2	117	130	0.02	0.1380	0.2136	53.36 ***
	113		0.03			
	105		0.02			
	100		0.88			
	97		0.05			

Ho promedio= 0.169 ± 0.06

He promedio= 0.155 ± 0.05

polimorfismo promedio fue de $P = 0.53 \pm 0.02$ según el criterio del alelo más común ≤ 0.95 .

La Tabla IV muestra los loci polimorficos que presentaron diferencias significativas ($P \ll 0.001$) al aplicar la prueba de bondad de ajuste de "Ji" cuadrada para frecuencias heterocigóticas observadas y esperadas, por locus.

La tabla V muestra los loci comunes registrados entre las poblaciones locales de Punta Banda y Rincón de Ballenas. El locus Aat-2 presentó igual número de alelos, con frecuencias alélicas muy semejantes. Sin embargo, se observa un exceso de heterocigotos en el demo de Rincón de Ballenas; es decir el arreglo genotípico con la misma base génica se orienta a la formación de heterocigotos.

El locus Em-1 para el demo de Punta Banda fue monómorfico, Rincón de Ballenas presentó 3 alelos diferentes, de los cuales 2 de ellos (105 y 102) presentaron frecuencias alélicas menores a 0.10, observandose una deficiencia de heterocigotos poco significativa entre sus heterocigosis observada y esperada.

El locus Est-2 en ambos demos se compone de dos alelos, aunque el único compartido es el común (100); el raro ($f < 0.10$) es diferente en ellos. La tendencia genotípica es, una vez más, hacia el exceso de heterocigotos en Rincón de Ballenas.

TABLA V .- Loci, alelos y frecuencias alélicas comunes encontrados entre las poblaciones locales de Rincon de Ballenas B.C. y Punta Banda, B.C. H_o y H_e son las heterocigosis observada y esperada encontradas en ambas poblaciones.

LOCALIDAD	LOCUS	N	FRECUENCIAS ALELICAS					H_o	H_e
	Aat-2		<u>104</u>	<u>102</u>	<u>100</u>				
P.B		122	.06	.28	.66		0.480	0.482	
R.B		60	.06	.21	.71		0.566	0.436	
	Em-1		<u>105</u>	<u>102</u>	<u>100</u>				
P.B		100			1.0		0.000	0.000	
R.B		172	.30	.30	.94		0.058	0.111	
	Est-2		<u>102</u>	<u>100</u>	<u>96</u>				
P.B		60		.93	.05		0.100	0.095	
R.B		82	.06	.94			0.121	0.114	
	Est-3		<u>104</u>	<u>102</u>	<u>100</u>	<u>98</u>	<u>96</u>		
P.B		88		.03	.66	.1	.21	0.295	0.509
R.B		122	.02	.11	.76	.07	.02	0.490	0.399
	Lap-2		<u>103</u>	<u>102</u>	<u>100</u>	<u>99</u>			
P.B		130			.98	.02		0.031	0.039
R.B		180	.005	.18	.75	.06		0.422	0.400
	Sed-2		<u>117</u>	<u>113</u>	<u>105</u>	<u>100</u>	<u>97</u>		
P.B		100				1.00		0.000	0.000
R.B		130	.02	.03	.02	.88	.05	0.138	0.214

R.B (Rincon de Ballenas) H_o promedio=0.169 + 0.06

H_e promedio=0.155 + 0.05

P.B (Punta Banda)

H_o promedio=0.079 + 0.032

H_e promedio= .105 + 0.038

El locus Est-3 mostró 5 diferentes alelos en la población de Rincón de Ballenas de los cuales 3 de ellos (104, 98 y 96) presentaron frecuencias alélicas menores a 0.10. En Punta Banda, sólo se presentaron 4 alelos; uno sólo de ellos (102) tuvo frecuencia alélica menor a 0.10. Mientras que en Punta Banda se observa deficiencia de heterocigotos, en Rincón de Ballenas se vuelve a presentar ahora altamente significativo, el exceso de heterocigotos.

En el locus Lap-2, Rincón de Ballenas presentó 4 alelos diferentes y dos de ellos (103 y 99) con frecuencias alélicas menores a 0.10. Punta Banda mostró sólo 2 alelos, de los cuales el alelo 99 mostró una frecuencia alélica menor a 0.10. Este locus puede considerarse monómorfico en el demo Punta Banda, según el criterio empleado de polimorfismo. El patrón observado en otro loci de exceso de heterocigotos, en el demo de Rincón de Ballenas, se repite una vez más.

El locus Sod-2 puede considerarse como el que representa la diferencia más clara entre ambos demos y en relación al patrón detectado hasta el momento. En Punta Banda es enteramente monómorfico, mientras en Rincón de Ballenas se observa con 5 alelos, aunque con un desequilibrio genotípico debido a deficiencia heterocigótica.

En resumen y en promedio, la población de Rincón de Ballenas presentó un exceso de heterocigotos, con valores observados de considerable magnitud, mientras que la población en Punta Banda; resulta en una deficiencia de heterocigotos, con un promedio por debajo de los valores característicos de heterocigotos observada en moluscos gasterópodos (cf. Selander, 1980).

La Tabla VI muestra los resultados de la prueba de similitud y distancia genética (Nei, 1972) entre las poblaciones locales de Punta Banda y Rincón de Ballenas. La similitud genética calculada con respecto a 11 loci comunes entre ambas localidades fue de $I = 0.99 \pm 0.01$ y la distancia genética fue de $D = 0.008$.

TABLA 01.- Valores de Similitud y Distancia genetica en las poblaciones de *Astraea undosa* en Punta Banda (A) y Rincon de Ballenas (B). I y D fueron calculadas segun la Eo. de Nei, (1972).

LOCUS	A	B	Ik
Aat-1	1.00	1.00	1.00
Aat-2	0.06 0.28 0.66	0.06 0.22 0.72	0.99
Em-1	0.00 0.00 1.00	0.03 0.03 0.94	0.99
Est-1	0.91 0.09	1.00 0.00	0.99
Est-2	0.00 0.95 0.05	0.06 0.94 0.00	0.99
Est-3	0.00 0.03 0.66 0.10 0.21	0.02 0.12 0.76 0.07 0.02	0.95
Est-4	1.00	1.00	1.00
Gdh-1	1.00	1.00	1.00
Lap-1	1.00	1.00	1.00
Lap-2	0.00 0.00 0.98 0.02	0.01 0.18 0.75 0.06	0.99
Sod-2	0.00 0.00 0.00 1.00 0.00	0.02 0.03 0.02 0.88 0.05	0.99

I=0.991 + 0.01 D=0.0003

6. DISCUSIONES

La diferencia en el grado de variabilidad genética detectada puede estar en función de la heterogeneidad ambiental que experimentan las poblaciones, la cual puede estar actuando en la selección de variantes alélicas a regímenes ambientales particulares. Es decir los organismos de Rincón de Ballenas al pertenecer al intermareal, están sujetos a cambios drásticos diarios que son impredecibles, tales como : tiempo de exposición en un ciclo de mareas, altas temperaturas en pozas de marea, desecación, etc. En este caso la estrategia genética adaptativa, podría ser la de ampliar el número de variantes alélicas necesarias para, así, manejar más eficazmente las variaciones ambientales de esta zona del litoral. En contraste, los organismos del sublitoral de Punta Banda, sólo experimentan cambios estacionales que son regulares como la ruptura o formación de la termoclina en invierno y verano, respectivamente; en este caso la selección de variantes alélicas para esta población será más estrecha ya que la estabilidad del sublitoral no requiere de una alta variabilidad genética.

El valor de similitud genética interpoblacional calculado con respecto a 11 loci ($I = 0.99 \pm 0.01$), muestra que ambas poblaciones son idénticas en un 0.99 de los

alelos detectados, o que por lo menos dentro de este intervalo las diferencias en sus cargas electrostáticas, determinadas por la sustitución de algunas aminoácidos, no son detectables mediante electroforesis en gel (Johnson, 1980). El valor de distancia genética calculada ($D = 0.008$) indica que se han producido sólo 0.8 sustituciones alélicas por cada 100 loci génicos desde que ambas poblaciones se separaron de la población ancestral.

Scheltema (1975 citado por Romero Romero, 1989), propone que las similitudes genéticas entre poblaciones separadas geográficamente dependen principalmente del flujo génico entre éstas, y que la diversidad génica geográfica en sus frecuencias alélicas, a manera de clinas, es el resultado de la selección de distintos alelos en la adaptación a condiciones ambientales particulares. Por lo tanto, se puede considerar que ambos demos comparten el mismo reservorio genético.

De los 7 loci polimórficos, 3 de ellos (Em-1, Est-3 y Sod-2) presentaron una diferencia significativa ($P << 0.001$) en la frecuencia de heterocigotos observados bajo el equilibrio teórico de Hardy-Weingberg (Tabla V). Dentro de estos, el locus Sod-2 en la comparación de loci comunes entre las poblaciones de Punta Banda y Rincón de Ballenas se presentó monomórfico y altamente polimórfico, respectivamente. Con respecto a este comportamiento Valentine

y Ayala (1978), plantearon la hipótesis de la flexibilidad de los productos génicos, cuyo principio se basa en que aquellos individuos más capaces de manejar una amplia variedad de condiciones ambientales serán más aptos por su capacidad de capturar y utilizar una gran variedad de fuentes alimenticias. Por consiguiente se seleccionarán los alelos generalistas, mientras que cualquier alelo alternativo, no importa que tan útil sea, bajo condiciones especiales, al reducir la aptitud promedio, se selecciona negativamente. Los alelos que promueven la adaptación en alguna subdivisión especial del mosaico ambiental, se acumulan en el reservorio genético, conduciendo a niveles altos de polimorfismo genético a la población, y de heterocigosis en los individuos.

Valentine y Ayala (1978) mencionan también que pueden existir alelos generalistas que pueden retenerse en el reservorio génico por selección y que son más eficientes que los no especializados, es decir, en muchos casos las variantes alélicas son seleccionadas con base en las condiciones ambientales, entre la variabilidad genética necesaria para lograr la permanencia en espacio y tiempo de las variantes alélicas.

Por otro lado, el principio teórico del equilibrio de Hardy-Weingberg (H-W), se fundamenta en que, dentro de una población grande cuyos integrantes se aparean al azar, y donde no existe selección, migración ni mutación, las frecuencias génicas y genotípicas se mantienen constantes de generación en generación (Falconer, 1981).

Sin embargo, dentro de una población con apareamiento al azar, los procesos evolutivos sistemáticos como la selección natural, migración y mutación, tienden a cambiar las frecuencias genotípicas en una forma predecible tanto en cantidad como en dirección y la deriva génica como proceso dispersivo afecta predeciblemente la cantidad más no la dirección (está afecta principalmente a la poblaciones pequeñas) (Falconer, 1981).

Este principio podría ser el punto de referencia a partir del cual se plantean las posibles causas de los altos valores de variabilidad genética detectados en la población de Rincón de Ballenas y los posibles efectos de los procesos evolutivos sistemáticos que puedan estar influyendo entre las poblaciones de Rincón de Ballenas y Punta Banda.

La deriva génica en principio, como proceso dispersivo que afecta sólo a las poblaciones pequeñas se

descartará como posible efecto de las diferencias en variabilidad genética, ya que los caracoles de la especie Astraea undosa tiene un amplio intervalo de distribución y en particular debido a que existe un patrón de circulación superficial bien definido para la zona de estudio, y a la presencia de estadios larvarios lecitotróficos planctónicos de entre 7 y 9 días que, según Scheltema (1975 citado por Romero Romero, 1989), posibilitan el establecimiento de flujo genético entre poblaciones geográficamente separadas, permitiéndoles alcanzar altos valores de variabilidad.

La migración y la selección natural se han planteado como los procesos evolutivos más importantes de los cuales depende la variación genética espacialmente, en función de la magnitud de los ciclos de vida de los organismos. En muchos estudios se ha visto que la selección puede favorecer ciertos alelos o genotipos, dependiendo de los intervalos espaciales de distribución de los organismos, pero en otros casos la dirección e intensidad de la selección puede variar dependiendo del hábitat, creando una tendencia a amplios valores de diferenciación genética en las especies (Koehn et al., 1976). Una deficiencia o exceso de heterocigotos puede indicar dispersión en una parte del ciclo de vida, pero un desequilibrio puede indicar selección o dispersión en algunos periodos del ciclo de vida (Koehn, op. cit.).

La Bahía de Todos Santos, presenta un patrón de circulación superficial altamente relacionado con la intensidad de los vientos locales, este patrón consiste de una celda de corrientes a partir de Punta Banda a lo largo de toda la costa hasta la Boca del Estero de Punta Banda (Argote et. al., 1982; Durazo Arvizó, 1983; Hernandez Walls, 1986). Alvarez Sánchez, (1971) encontró que en general el agua entra a la Bahía por la parte norte y propone que las corrientes de deriva van hacia el interior de la Bahía paralelas a la línea de costa de la región norte.

Con base en el patrón de circulación superficial al que están sujetos los organismos de Astraea undosa es factible el establecimiento de flujo génico por dispersión larval pelágica. Sin embargo, las diferencias detectadas en la distribución de los genotipos sugieren diferencias en los regímenes selectivos ejercidos por los ambientes en que cada población se ha establecido.

Además, debe considerarse la posibilidad de que existan comportamientos ecológicos que puedan estar influyendo en la distribución tanto de genotipos como de fenotipos en la estructura por tallas de la población.

Torres Moya * (com. per.), por observaciones en el campo supone que las diferencias en clases de talla entre las poblaciones pueden deberse a que los organismos de Rincón de Ballenas, B.C., lleven a cabo una migración del infralitoral al sublitoral de la misma zona, ya que las tallas más grandes se han encontrado a mayores profundidades.

Becerril Bobadilla (1988) no encontró una distribución estratificada estadísticamente significativa en un estudio estacional en el sublitoral para esta especie.

Por otra parte en observaciones en el campo pudo notarse que el organismo está siendo sometido a extracción por pescadores regionales lo cual puede influir en la distribución por tallas ya que se capturan los organismos de tallas mayores permaneciendo en el intermareal las más pequeñas.

* Guillermo Torres Moya (Facultad de Ciencias Marinas U.A.B.C.).

7. CONCLUSIONES

- La identidad genética calculada ($I = 0.99 \pm 0.01$) para ambas poblaciones locales comparadas, evidencia un alto grado de semejanza genética entre ellas, por lo que pueden considerarse como poblaciones locales que comparten el mismo reservorio genético.

-El proceso de selección natural se plantea como el causante directo de las diferencias en distribuciones de los genotipos encontrados entre ambas poblaciones.

- Las diferencias en clases de talla entre las poblaciones no son debidas totalmente a causas genéticas, sino muy probablemente a la interacción de la composición del reservorio genético de las poblaciones locales estudiadas con el hábitat que ocupan.

8. LITERATURA CITADA

- Alvarez Sánchez, L.G. 1971. Medición de corrientes superficiales en la Bahía de Todos Santos, B.C. Tesis Profesional. E.S.C.M. U.A.B.C. 54 pp.
- Argote, M.L; A. Amador, C. Oyeji M; Durazo, A., 1982. Observaciones de corrientes costeras superficiales mediante trazadores lagrangeanos. I. Bahía de Todos Santos, B.C. (1980-1981). Reporte Técnico OC-82-03. CICESE
- Ayala, F.J y Kliger Jr., 1984. Genética Moderna. Fondo Educativo Interamericano. México. 863 pp.
- Baqueiro, E; J.A. Maso y H. Guajardo., 1982. Distribución y abundancia de moluscos de importancia comercial en B.C.S. Serie de divulgación No.11 Inst. Nal. Pes., México; 4:13.
- Becerril Bobadilla, F.J., 1988. Distribución y abundancia del caracol Astraea undosa Wood (1828), (Mollusca:Gasteropoda) en la Bahía de Todos Santos de mayo a octubre de 1987. Tesis Profesional. F.C.M. U.A.B.C. 48 pp.
- Buroker, N.; W.K, Hershberg and K.K Chev., 1975. Genetic variation in the pacific oyster Crassostrea gigas J.Fish. Res. Board Can. 32:2471-2477.
- Crow, J.F y M. Kimura., 1970. An Introduction to Population Genetics Theory. Harper and Row. Nueva York.

- Diaz Diaz, M.E., 1983. Aspectos tróficos de algunas especies de peces asociados a un manto de algas de Macrocystis pirifera en la Bahía de Todos Santos, B.C. (Primavera-Verano). Tesis Profesional. E.S.C.M. U.A.B.C. 61 pp.
- Dobzhansky, J; Ayala, F.J; Stebbins, G.L; Valentine, J.W., 1983. Evolución. Ed. OMEGA. Barcelona, España. 558 pp.
- Durazo, Arvizú.R., 1983. Circulación superficial y cinemática de la región sur de la Bahía de Todos Santos, B.C. Tesis Profesional. E.S.C.M. U.A.B.C. 68 pp.
- Falconer, D.S., 1981. Introduction to Quantitative Genetics. 2da. Edición. Longman. Londres. 340 pp.
- Hedgecock, D., 1986. Is gene flow from pelagic larval dispersal important in the adaptation and evolution of marine invertebrates. Bulletin of Marine Science, 39(2): 550-554.
- Hernandez Walls, R., 1986. Circulación inducida por el viento en la zona costera. Tesis Profesional. E.S.C.M. U.A.B.C. 69 pp.
- Hunter, R.L y C.L. Marker., 1957. Histochemical demonstration of enzymes separated by zone electrophoresis instarch gels. Science 125: 1294-1295.
- Johnson, G.B., 1980. Polimorfismo genético y función enzimática. En: Ayala, F.J, ed. Evolución Molecular Barcelona, España 47-60 pp.

- Koehn, R.K; R.Milkman and Mitton, J.B. 1976. Population genetics of marine pelecipods IV. Selection, migration and differentiation in the blue mussel Mytilus edulis. Evolution 30:2-32.
- Morris, R.H; D.P Abbott and E.C Haderline. 1983. Intertidal Invertebrates of California. Stanford University Press. 690 pp.
- Nei, M., 1972. Genetic distance between populations. Am. Natur. 106: 283-292.
- Olson, Ocampo. R., 1981. Los camarones litorales de la Bahía de Todos Santos, B.C. México: (Sistemática, Distribución y Ecología) Crustacea, Decapoda, Natantia. Tesis Profesional. E.S.C.M. U.A.B.C. 146 pp.
- Robledo Ramirez, D., 1988. Aspectos sobre la depredación del caracol Astraea undosa Wood (1828). Tesis Profesional. F.C.M. U.A.B.C. 37pp.
- Romero Romero, E., 1989. Variabilidad genética del caracol Astraea undosa (Wood, 1828), en una población de Bahía Tortugas, B.C.S. sujeta a extracción comercial. Tesis Profesional. F.C.M. U.A.B.C. 55pp.
- Rosa Vélez, J. 1986. Variabilidad genética poblacional en ostiones de la especie Crassostrea virginica del Golfo de México. Tesis de Doctorado. Universidad Nacional Autónoma de México. 124pp.
- Secretaría de Marina., 1974. Estudio geográfico de la Región de Ensenada, B.C., México. 456 pp.

Selander, K.R and Kaufman, D.W., 1973. Genetic variability and strategies of adaptations in animals. Proc. Nat. Acad. Sci. USA. Vol. 70 No. 6 1875-1877.

Suárez Vázquez, A., 1989. Genética bioquímica en caracoles de la especie Astraea undosa de la Bahía de Todos Santos, B.C. Tesis Profesional. F.C.M. U.A.B.C. 66 pp.

Sokal, R.R and F.J Rohlf., 1981. Biometry. W.H. Freeman and Company U.S.A 859 pp.

Valentine, J.W; F.J. Ayala., 1978. Adaptative strategies in the sea. En: Marine Organism, Genetics, Ecology (Battaglia, B y J.A Beardmore, Eds.) Plenum Press New York and London. (1978). 323- 345

Heterocigoto: Célula u organismo que tiene 2 alelos diferentes en un locus dado, en cromosomas homólogos.

Homocigosis: La condición de ser Homocigotico; la proporción de individuos homocigóticos en un locus, o de loci homocigóticos en un individuo.

Homocigoto: Célula u organismo que tiene el mismo alelo en un locus dado de los cromosomas homologos.

Locus: Lugar en un mapa genético en el que reside una mutación o un gen particular; a menudo se usa en lugar de mutación o gen.

Polimorfismo: La presencia de variás formas (de un rasgo o de un gen) en la población; la proporción de loci génicos polimorficos.

Tamaño efectivo de población: Número de individuos de una población que se reproducen.