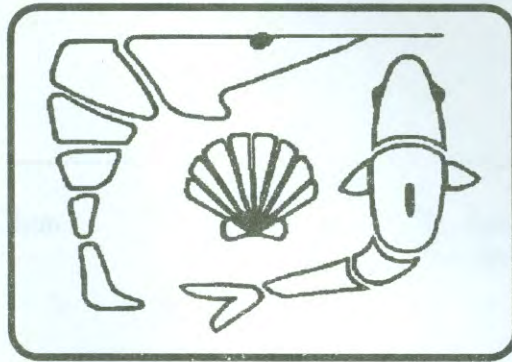




EL SABER DE MIS HIJOS
HARÁ MI GRANDEZA

UNIVERSIDAD DE SONORA
DIVISIÓN DE CIENCIAS BIOLÓGICAS Y DE LA SALUD
DEPARTAMENTO DE INVESTIGACIONES CIENTÍFICAS Y TECNOLÓGICAS

PROGRAMA REGIONAL DE POSGRADO EN ACUACULTURA



VARIACIÓN ALOZÍMICA DEL CHANO *Micropogonias megalops*
(PISCES:SCIAENIDAE) EN EL ALTO GOLFO DE CALIFORNIA:
IMPLICACIONES PARA SU CULTIVO

TESIS

que para cubrir parcialmente los requisitos necesarios para obtener el grado de
MAESTRO EN CIENCIAS, presenta:

ALEJANDRO VARELA ROMERO

Universidad de Sonora

Repositorio Institucional UNISON



"El saber de mis hijos
hará mi grandeza"



Excepto si se señala otra cosa, la licencia del ítem se describe como openAccess

CONTENIDO

RESUMEN.	i
ABSTRACT.	ii
ÍNDICE DE FIGURAS.	iii
ÍNDICE DE TABLAS.	iv
I.- INTRODUCCIÓN Y ANTECEDENTES.	1
II.- OBJETIVOS.	
II.1. Objetivo general.	9
II.2. Objetivos particulares.	9
III.- MATERIALES Y MÉTODOS.	
III.1. Colectas y obtención de muestras.	10
III.2. Análisis electroforéticos.	10
III.3. Análisis de datos.	12
IV.- RESULTADOS.	15
V.- DISCUSIÓN.	20
VI.- CONCLUSIONES.	30
VII.- RECOMENDACIONES.	31
VIII.- LITERATURA CITADA.	32
XI.- APÉNDICES.	41
XI.1.- Apéndice 1.- Preparación del gel de almidón.	41
XI.2.- Apéndice 2.- Soluciones amortiguadoras y condiciones de las corridas electroforéticas.	43
XI.3.- Apéndice 3.- Sistemas enzimáticos y soluciones stock empleadas.	45
XI.4.- Apéndice 4.- Programa de cultivo para la repoblación de juveniles del chano, <i>Micropogonias megalops</i> , en el Alto Golfo de California.	52

RESUMEN.

Con el objetivo de analizar la variabilidad genética poblacional del chano *Micropogonias megalops* en el Alto Golfo de California, se utilizó el análisis de alozimas. Se recolectaron 55 y 65 especímenes de dos zonas de pesca comercial en el Alto Golfo de California, el Golfo de Santa Clara (pesquería en botes con motor fuera de borda) y Puerto Peñasco (pesca de barcos escameros) en Sonora. Para el estudio de electroforesis de proteínas se utilizó gel de almidón al 12%. Se analizaron 20 sistemas enzimáticos y se detectaron 47 loci, de los cuales 30 loci de 14 sistemas enzimáticos se utilizaron para el análisis de la variabilidad genética. Se detectó un polimorfismo de 13.33% con cuatro loci polimórficos (*EST-2**, *EST-3**, *XDH-2** y *SOD**). La heterocigosis promedio fue de 0.010 ± 0.006 y el promedio de alelos por locus de 1.50 ± 0.80 , ambos considerados bajos para la población. La totalidad de los loci polimórficos se encontraron fuera del equilibrio de Hardy-Weinberg. Los estimados para las muestras agrupadas y separadas mostraron una deficiencia de heterocigotos. El coeficiente de endogamia (*Fis*) fue de 86%. Los loci *EST-2** y *XDH-2** mostraron diferencias en las frecuencias alélicas y el coeficiente de diferenciación genética fue del 2.7%. Los indicadores de diferenciación poblacional y la baja variabilidad genética descritos para el chano del Alto Golfo de California son evidencias contundentes de la erosión de la variabilidad genética de la población. Los elevados niveles de extracción de individuos de la población debido a la captura comercial son un impacto que requiere de su inmediata regulación. Por lo encontrado en este estudio, se justifica basar las regulaciones pesqueras en indicadores moleculares relacionados con la variabilidad genética y la evaluación de la estructura poblacional, además de indicadores biológicos. Adicionalmente, se recomienda el diseño y operación de un programa de cultivo para la repoblación del chano como estrategia de manejo en el mediano y largo plazo utilizando la Reserva de la Biosfera como instrumento de gestión.

ABSTRACT.

Allozyme analysis was used to study the genetic variability of the population of bigeye croaker *Micropogonias megalops* at the Upper Gulf of California. Samples of fifty five and sixty five individuals, respectively, were collected from two commercial fishing zones: Upper Gulf of California and Gulf of Santa Clara (fishing on overboard engine boats); and Puerto Peñasco (scale level fishing), in Sonora. Gel electrophoresis of proteins with starch gel at 12% was used for the study. Twenty enzymatic systems were analyzed and 47 loci were detected, 30 of which, from 14 enzymatic systems, served to analyze genetic variability. Polymorphism of 13.33% and four polymorphic loci (*EST-2**, *EST-3**, *XDH-2** y *SOD**) were detected. Mean heterozygosity was 0.010 ± 0.006 and the mean of alleles per locus was 1.50 ± 0.80 , both considered low for the population. All of the polymorphic loci were found outside the Hardy-Weinberg equilibrium. Estimates for the grouped and ungrouped samples showed deficiency of heterozygotes. Inbreeding coefficient (*F_{is}*) was 86%. The *EST-2** and *XDH-2** loci were different in their allelic frequencies, and genetic differentiation coefficient was 2.7%. Indicators of population differentiation and the low genetic variability described for the bigeye croaker, are evidence of an effect of erosion in the genetic variability of this population. The high levels of removal of individuals through commercial fishing represent an impact requiring immediate regulation. Findings in this study justify an evaluation of the population structure and biological indicators, and a policy of basing fishing regulations on molecular indicators related to genetic variability. In addition, it is recommended the design and operation of a culture program for repopulation of the bigeye croaker as a strategy for middle and long term management of this resource, using the Reserve of the Biosphere status as an instrument of negotiation.

ÍNDICE DE FIGURAS.

Figura	Página
1. Chano norteño, <i>Micropogonias megalops</i> .	3
2. Capturas anuales en toneladas métricas del chano (<i>M. megalops</i>) registradas en Santa Clara y Puerto Peñasco, Sonora y San Felipe, Baja California. Datos proporcionados por SEMARNAP.	3
3. Localización de los sitios de pesca comercial del chano, <i>M. Megalops</i> , en el Alto Golfo de California. 1: Zona de pesca de botes con motor fuera de borda. 2: Zona de pesca de barcos escameros. La línea punteada indica el límite sur de la Reserva de la Biosfera Alto Golfo de California y Delta del Río Colorado.	11
4. Modelo para la repoblación con juveniles cultivados y pesca del chano, <i>M. Megalops</i> , en el Alto Golfo de California. Las líneas rectas y curvas representan la contribución de cada una de las categorías del modelo. Los adultos I, II y III indican las diferentes clases de edad. Se excluye la pesca al interior de la reserva y la pesquería se restringe al exterior de la reserva. Diagrama de Sladek-Nowlis y Roberts (1999) modificado para esta propuesta.	29

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla	Página
I. Sistemas enzimáticos utilizados, loci detectados y analizados (-) en el chano, <i>M. megalops</i> , en el Alto Golfo de California. N.C.E.=Número asignado por la Comisión de Enzimas (IUBNC, 1984).	13
II. Variabilidad genética del chano, <i>M. megalops</i> , en las dos localidades de muestreo en el Alto Golfo de California.	16
III. Frecuencias alélicas, frecuencias fenotípicas y heterocigosis de acuerdo a la Ley de Hardy-Weinberg en los cuatro loci polimórficos en el chano, <i>M. megalops</i> , en el Alto Golfo de California. SC=Santa Clara, PP=Puerto Peñasco.	17
IV. Deficiencia y exceso de heterocigotos (coeficiente D) para el chano, <i>M. megalops</i> , en las localidades de muestreo en Santa Clara y Puerto Peñasco, Alto Golfo de California.	18
V. Análisis de la X^2 (prueba G log-verosimilitud) para la heterogeneidad de las frecuencias alélicas de los loci polimórficos en el chano, <i>M. megalops</i> , en las dos localidades de muestreo en el Alto Golfo de California.	18
VI. Identidad (I) y distancia genética (D) insesgadas de Nei (1978) para el chano, <i>M. megalops</i> , en las dos localidades de muestreo en Santa Clara y Puerto Peñasco, Alto Golfo de California.	19
VII. Estadísticas F para los cuatro loci polimórficos del chano, <i>M. megalops</i> , en las dos localidades de muestreo en el Alto Golfo de California.	19

I.- INTRODUCCIÓN Y ANTECEDENTES.

Como parte de la acuicultura, el cultivo de peces marinos ha representado una actividad de sustento en el desarrollo histórico de la sociedad humana desde hace milenios (Wheaton, 1977). El cultivo de peces se inicia aparentemente en China alrededor de 2000 años antes de Cristo con base en especies dulceacuícolas, como la carpa, razón por la cual se reconoce a la región Indo-Pacífico como una de las más importantes en la evolución de esta actividad (Avault, 1980). Sin embargo, Pérez-Salmeron (1982) menciona que a pesar de que desde tiempos remotos se tienen evidencias del cultivo de peces, el inicio de la piscicultura se sitúa a mediados del siglo XVIII, impulsada ésta por el logro de la fecundación artificial de algunas especies de peces.

Actualmente, Japón se considera como uno de los países donde se llevan a cabo cultivos de peces marinos (Meske, 1985; Imaizumi, 1993). Sus actividades de cultivo las han desarrollado desde hace más de 150 años y entre las especies que este país ha involucrado a la acuicultura, se encuentran al jurel aleta amarilla, *Seriola quinqueradiata*, y la anguila, *Anguilla japonica* (Brown, 1983). En otros países, las actividades de cultivo de peces marinos han desarrollado gran importancia en épocas recientes, y se basan en el cultivo de diversas especies como los salmones y truchas, *Onchorhynchus* spp., en el norte de los Estados Unidos y el sur de Canadá (Brown, 1983); el cultivo de lisas, *Mugil cephalus*, y *Lisa* spp.; cabrilla, *Dicentrarchus labrax*; luvina, *Sparus aurata*; anguila, *Anguilla anguilla* y lenguados, *Solea vulgaris* en España, Portugal e Italia entre otros (Ardizzone, *et al.* 1988; Marquez-Arias, *et al.* 1982; Bernardino, 2000).

En México los esfuerzos de cultivo de peces marinos realizados se han desarrollado regionalmente y la mayoría de ellos se restringen a fases experimentales de especies marinas en riesgo como la totoaba y peces marinos que son apreciados por su alto valor comercial como los robalos, cabrillas y pargos (Matus-Nivon, *et al.* 1990).

Para la familia Sciaenidae, constituida principalmente por peces marinos costeros, sobre la que tradicionalmente se han establecido pesquerías artesanales, no es eventual el que se inicie el desarrollo de estrategias de cultivo de algunas de sus especies. En el Atlántico se ha registrado la engorda en encierros de varias especies de sciaenidos como los roncadores, *Bardiella chrysur*, *Sciaenops ocellatus*; curvinas, *Cynoscion* spp.; bocadulce, *Menticirrhus* spp. y chano, *Micropogon (Micropogonias) undulatus* (Bardach, *et al.* 1986). Actualmente, el cultivo del roncador rojo, *Sciaenops ocellatus*, se considera una actividad comercial generalizada en la zona costera de Texas (Chamberlain, *et al.* 1987).

Para la costa del Pacífico, sin embargo, no se cuenta con el cultivo establecido de ninguna especie de la familia sciaenidae, sólo se conocen actividades de piscicultura de repoblación para la pesca comercial del cabaicucho ó curvina blanca, *Atractoscion nobilis*, en la zona costera del Sur de California en los Estados Unidos y el norte de Baja California en México, para compensar el efecto de la presión de sobrepesca ocasionada por la actividad comercial (Vojkovich y Reed, 1983). En México, los intentos de cultivo de especies de la familia se restringen de la misma forma a los recientes esfuerzos sobre la recuperación de la Totoaba, *Totoaba macdonaldi*, especie endémica del Golfo de California y en peligro de extinción (Diario Oficial, 1975). Sobre esta especie se han iniciado actividades de repoblación de juveniles en el Alto Golfo; obtenidos mediante el manejo de reproductores adultos en condiciones experimentales de cautiverio en instalaciones de la UABC en Ensenada, Baja California.

No existe información disponible sobre el cultivo del chano, *Micropogonias megalops* (Figura 1). Sólo se cuenta con la existente sobre el cultivo del roncador boca blanca (*Micropogonias furnieri*) en estanques rústicos en la Estación de Cultivo de Peces de Onverwagt en Guayana Británica en el Océano Atlántico (Lowe-McConnell, 1966). El chano se considera actualmente como una especie endémica al Golfo de California (Castro-Aguirre 1978). Ha experimentado un ascenso continuo en la explotación pesquera en el Alto Golfo de California, con un inicio formal de la pesquería a principios de los 90's (Cudney-Bueno y Turk-Boyer, 1998) y una súbita caída de la producción para el 2000 (Figura 2). El manejo

inadecuado de su pesquería esta llevando a esta especie y a algunas más, a reducir sus números poblacionales y provocar abatimientos en las capturas pesqueras y, en algunas ocasiones, aproximarlos al borde de la extinción, como lo es el caso de la información documentada para la Totoaba (Berdegú, 1955).



Figura 1.- Chano, *Micropogonias megalops*.

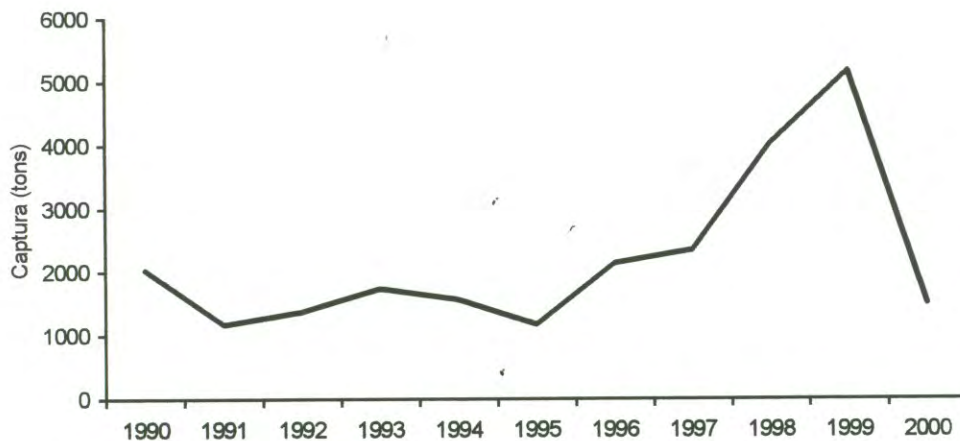


Figura 2.- Capturas anuales en toneladas métricas del chano (*M. megalops*) registradas en Santa Clara y Puerto Peñasco, Sonora y San Felipe, Baja California. Datos proporcionados por SEMARNAP.

Como una consecuencia para muchas especies de peces, la disminución de la magnitud de las poblaciones silvestres a partir de los últimos cien años debido a la presión de pesca, destrucción de hábitat y bloqueo de las rutas migratorias, ha llevado a considerar a la acuicultura como una segunda opción en apoyo a la producción pesquera (Ferguson, 1994). De esta manera, la acuicultura se plantea como una actividad que compensa el impacto ejercido sobre la extracción de individuos de la población, al producir ejemplares para la repoblación de juveniles en las zonas de pesca y la cosecha de organismos de talla comercial para satisfacer directamente los requerimientos del mercado (Ungson, *et al.* 1995).

El cultivo de organismos acuáticos implica necesariamente el manejo de un conjunto de individuos extraídos de una población. La identificación y discriminación genética de stocks y el estudio de su variabilidad para la acuicultura son requerimientos fundamentales en cualquier programa de cultivo, ya sea que esté dirigido a la producción para la comercialización o a la rehabilitación de poblaciones naturales (Ferguson, 1994). Desde el punto de vista pesquero, un stock se define como un grupo de individuos de la misma especie que se reproducen al azar con integridad espacial y temporal (Ihssen, *et al.* 1981). Para la genética, el atributo más importante de una población es su variabilidad genética y su importancia radica en que constituye el material de partida sobre el cual actúan los agentes que producen los cambios de la estructura genética de las poblaciones (Alvarez-Jurado, 1987). El mantenimiento de esta variabilidad permite, a través de procesos naturales de recombinación y segregación, la producción de un rango de genotipos como respuestas adaptativas de cada especie, para explotar los cambios de las condiciones ambientales (Beardmore, *et al.* 1997). De esta manera, el estudio de la estructura genética es un requisito importante que deberá realizarse para todas aquellas especies que presenten un potencial acuícola (Rodríguez-Romero y Gasca-Montes de Oca, 1999).

Es posible considerar a la variación genética como la materia prima a partir de la cual las diversas poblaciones de una especie enfrentan de manera exitosa los cambios en su ambiente (FAO/PNUMA, 1984). Esto implica que poblaciones con alta variabilidad genética puedan hacer frente de manera eficaz a los cambios en su entorno. A diferencia de poblaciones

con variabilidad genética reducida e incluso similar entre sí, ya que son sumamente susceptibles a variaciones en su medio, como las infringidas por el hombre a los habitats naturales y las ejercidas bajo las condiciones particulares de cultivo de cada región (Beardmore, *et al.* 1997).

La variabilidad genética ha sido considerada como el indicador adecuado que permite conocer la factibilidad de explotación de poblaciones por medio de la pesca y la acuicultura (Rosa-Vélez y Rodríguez-Romero, 1990). Para el cultivo de especies se puede considerar un riesgo el abatimiento de su variabilidad genética. Una de las causas más comunes que originan lo anterior, es la selección de una población silvestre con una variabilidad genética disminuida, factor que influye en la capacidad de respuesta a los cambios ambientales producto del cultivo (Rosa-Vélez y Rodríguez-Romero, 1990). Otra causa común es la frecuente selección de progenitores del mismo lote de organismos estrechamente emparentados. Su consecuencia es la elevación de los niveles de consanguinidad, generación tras generación y el aumento de la homocigosis en genes indeseables, que causan un impacto negativo en la capacidad y calidad reproductiva, la sobrevivencia de los huevos fecundados, la tasa de crecimiento, el incremento de la tasa de mutaciones y la fragilidad a las enfermedades (Beardmore, *et al.* 1997). Estos riesgos tienen una correspondencia directa con las pérdidas económicas para el acuicultor y con el peligro que enfrentan las poblaciones para su sobrevivencia (Rodríguez-Romero y Gasca-Montes de Oca, 1999).

La medida e interpretación de la variabilidad genética es esencial para explicar los cambios en la composición genética de las poblaciones. La variabilidad genética surge como consecuencia del proceso de mutación, es decir, cualquier cambio en la secuencia o el número de nucleótidos de ADN, provocados por una gran diversidad de factores como agentes mutagénicos físicos y químicos y errores en la replicación del ADN. La mutación, en conjunto con el mecanismo de recombinación genética, proporciona el sustrato sobre el cual actúan los diversos agentes evolutivos tales como la selección natural y la migración, entre otros, lo cual promueve cambios genéticos en las poblaciones (Zapata, 1987).

Desde hace mas de 20 años, los genetistas pesqueros han utilizado la electroforesis de proteínas como herramienta primaria para caracterizar la variabilidad genética poblacional en varias especies de peces (Park y Moran, 1994). Esta técnica se ha considerado ideal para el estudio de la genética poblacional debido a que es relativamente barata, requiere de poco equipo especializado y es relativamente rápida para el análisis de un gran volumen de muestras y de loci dispersos en el genoma (Utter, *et al.* 1974; Murphy, *et al.* 1990; Utter, 1991; Park y Moran, 1994; Ward y Grewe, 1994; Rodríguez-Aguilera, 1996). La electroforesis de proteínas se ha utilizado para definir marcadores genéticos para la identificación de poblaciones de peces a nivel de proteínas alélicas (Grant, *et al.* 1984; Utter y Rayman, 1993; Carvalho y Hauser, 1994; Ward y Grewe, 1994; Baker, 2000). El fundamento de la electroforesis es la separación de macromoléculas en una solución acuosa que se expone a un campo eléctrico. Las formas alternativas de proteínas son separadas sobre la base de las diferencias de sus cargas netas, que estan en función de la secuencia de aminoácidos, su forma y su tamaño (Park y Moran, 1994; Ward y Grewe, 1994).

Existen cuatro medios de soporte principales dentro de la electroforesis de proteínas, almidón, poliacrilamida, celulosa y agarosa. El método basado en el gel de almidón como medio de soporte es el más común debido a su grado de eficiencia y a que está ampliamente difundido ente los estudiosos de los recursos pesqueros (Murphy, *et al.* 1990). Una de las ventajas adicionales de este método es el que se pueden obtener varias rebanadas horizontales de un sólo molde de gel, que permite analizar diferentes enzimas en una sola corrida electroforética (Aebersold, *et al.* 1987). En términos generales se considera que la electroforesis de proteínas tiene baja resolución y que falla al detectar la mayor parte de la variación genética que existe a nivel de nucleótidos. Sólo un tercio de las sustituciones de nucleótidos resultan en cambios en aminoácidos, de los cuales 25% son detectables por la electroforesis (Nei, 1987). Estas limitaciones no son relevantes en el uso de índices relativos de variación genética como los estimados de heterocigosis poblacional, pero son mas serias cuando se involucran en estudios filogenéticos (Park y Moran, 1994; Baker, 2000).

Existen otras técnicas de mayor resolución para la detección de variabilidad genética y diferenciación poblacional como el análisis del Polimorfismo de la Longitud de los Fragmentos de Restricción (RFLP) del ADN mitocondrial, el ADN Polimórfico Amplificado al Azar (RAPD) y el estudio del Número Variable de Repeticiones al Azar de ADN (VNTRs) que se encuentra en forma de microsátélites y minisátélites dependiendo del número de pares de bases involucradas en el arreglo molecular (Grijalva-Chon, *et al.* 1994; Wrigt y Bentzen, 1994; Sayito, 1998). Sin embargo, estas técnicas son costosas y de metodologías mas complicadas que las de alozimas (Ferguson, 1994; Grijalva-Chon, 1999). Además, se ha demostrado que en algunos casos las alozimas proporcionan una mayor información que algunas técnicas mas complejas (Brown y Chapman, 1991; Grijalva-Chon, *et al.* 1996; Gold, *et al.* 1997; Smith, *et al.* 1997; Ward, *et al.* 1997).

Las poblaciones naturales presentan una gran variabilidad genética para cada uno de los rasgos fenotípicos de los individuos, expresados por influencia genética o ambiental, o por una combinación de ambas (Zapata, 1987). Para medir exactamente la variabilidad genética de una población requeriríamos estudiar todos los loci presentes, lo cual es prácticamente imposible. Para esto se requiere de una muestra proveniente de individuos que permita inferir la variabilidad genética de la población. Cuando un gran número de loci son examinados para estudiar la variabilidad genética alozímica de una población, el grado de variabilidad frecuentemente es medido por la heterocigosis y la proporción de loci polimórficos (Nei, 1987). La heterocigosis promedio es la proporción de heterocigotos por locus en una población con reproducción al azar y es también la proporción esperada de loci heterocigotos en un individuo escogido al azar (Nei, 1987). Generalmente, un locus se considera polimórfico cuando la frecuencia del alelo mas común es igual o menor a 0.95 (Zapata, 1987). La variabilidad genética en peces es aparentemente baja en relación con la variabilidad fenotípica (Allendorf, *et al.* 1987). En peces marinos se han reportado valores de heterocigosis desde 0.000 hasta 0.174 (Fujio y Kato, 1979), y un promedio general de 0.055 para diferentes especies en diversas condiciones de subsistencia (Smith y Fujio, 1982), que son relativamente bajos comparados con el resto de los vertebrados (Allendorf, *et al.* 1987).

Los estudios de variabilidad genética de alozimas en *M. megalops* son inexistentes. El único congénere estudiado hasta el momento en el Atlántico es *Micropogonias furnieri* (Levy, et al. 1998; Suzuki, et al. 1983). Otras especies de la familia han sido estudiadas para el Atlántico como *Sciaenops ocellatus* (Ramsey y Wakeman, 1987; Wakeman y Ramsey, 1988; Gold, et al. 1988; Bohlmeier y Gold, 1991; Gold, et al. 1993; Gold y Richardson, 1994), *Cynoscion regalis* (Crawford, et al. 1988) y *C. nebulosus* (Ramsey y Wakeman, 1987); y otras para el Pacífico como *Atractoscion nobilis* (Bartley y Kent, 1990), *Genyonemus lineatus* y *Seriphus politus* (Beckwitt, 1983).

Debido a la falta de estudios genéticos especies regionales y mas aún aquellas sujetas a explotación pesquera y con amplios potenciales para considerar su cultivo una opción viable dentro de las estrategias de manejo de los recursos naturales acuáticos de la región, el presente trabajo pretende evaluar la variabilidad genética alozímica de la población del chano, *Micropogonias megalops*, en el Alto Golfo de California y ofrecer las bases iniciales para el conocimiento de su variabilidad genética para el aprovechamiento, manejo y conservación de su población.

II. OBJETIVOS.

II.1. Objetivo general.

Evaluar la variabilidad genética poblacional del chano norteño, *Micropogonias megalops*, a partir del análisis de alozimas.

II.2. Objetivos particulares.

- a) Evaluar la heterocigosis promedio.
- b) Evaluar el número promedio de alelos por locus.
- c) Evaluar la proporción de loci polimórficos.
- d) Evaluar el nivel de endogamia.
- e) Proponer la estrategia mas adecuada para el manejo en cultivo del chano en el Alto Golfo de California.

III. MATERIALES Y MÉTODOS.

III.1. Colectas y obtención de muestras.

Se colectaron un total de 130 organismos de *M. megalops* dentro de su distribución natural (Chao, 1995) provenientes de las pesquerías establecidas dentro del Alto Golfo de California. La pesquería en botes con motor fuera de borda tiene su base en el poblado el Golfo de Santa Clara, Sonora, y opera en la Zona de Pesca 1 frente a los sitios conocidos como El Tornillal y San Felipe dentro de la Zona de Amortiguamiento de la Reserva de la Biosfera Alto Golfo de California y Delta del Río Colorado (RBAGCDRC). Esta pesquería utiliza redes agalleras de cuatro pulgadas de luz de malla (Figura 3). La pesquería con barcos escameros, tiene su base en Puerto Peñasco, Sonora y opera en la Zona de Pesca 2 que comprende desde el Sur de la línea que delimita la Zona de Amortiguamiento de la RBAGCDRC hasta las cercanías a Bahía Kino, Sonora (Figura 3). Esta pesquería utiliza redes de arrastre con luz de malla de cuatro pulgadas.

En abril de 1998 se recolectaron un total de 55 organismos de la Zona de Pesca 1 y durante enero a marzo de 1999 se recolectaron un total de 65 organismos de la Zona de Pesca 2. De los 130 ejemplares recolectados se analizó la variabilidad alozímica de la especie con base en muestras de músculo blanco, hígado, corazón y ojo de cada uno de los individuos colectados. Las muestras de tejido obtenidas se congelaron a -10°C y -20°C utilizando hielo seco y congelación convencional en el campo, y posteriormente se almacenaron a -70°C en un ultracongelador en el Laboratorio de Genética de Poblaciones del DICTUS en Hermosillo.

III.2. Análisis electroforéticos.

En el laboratorio, se homogeneizaron aproximadamente 5g de cada tejido con un volumen equivalente de solución Tris-HCL 0.1 M, pH 8.0, NAD, NADP y PVP (Polivinilpirrolidona). Se utilizó el homogeneizador de barra de teflón para hígado y el homogeneizador de aspas para músculo, ojo y corazón. Los homogenizados se centrifugaron a

3,500 rpm por 20 minutos a 4°C para posteriormente congelar los sobrenadantes a -70°C en viales de plástico y almacenarlos en un ultracongelador para su análisis.

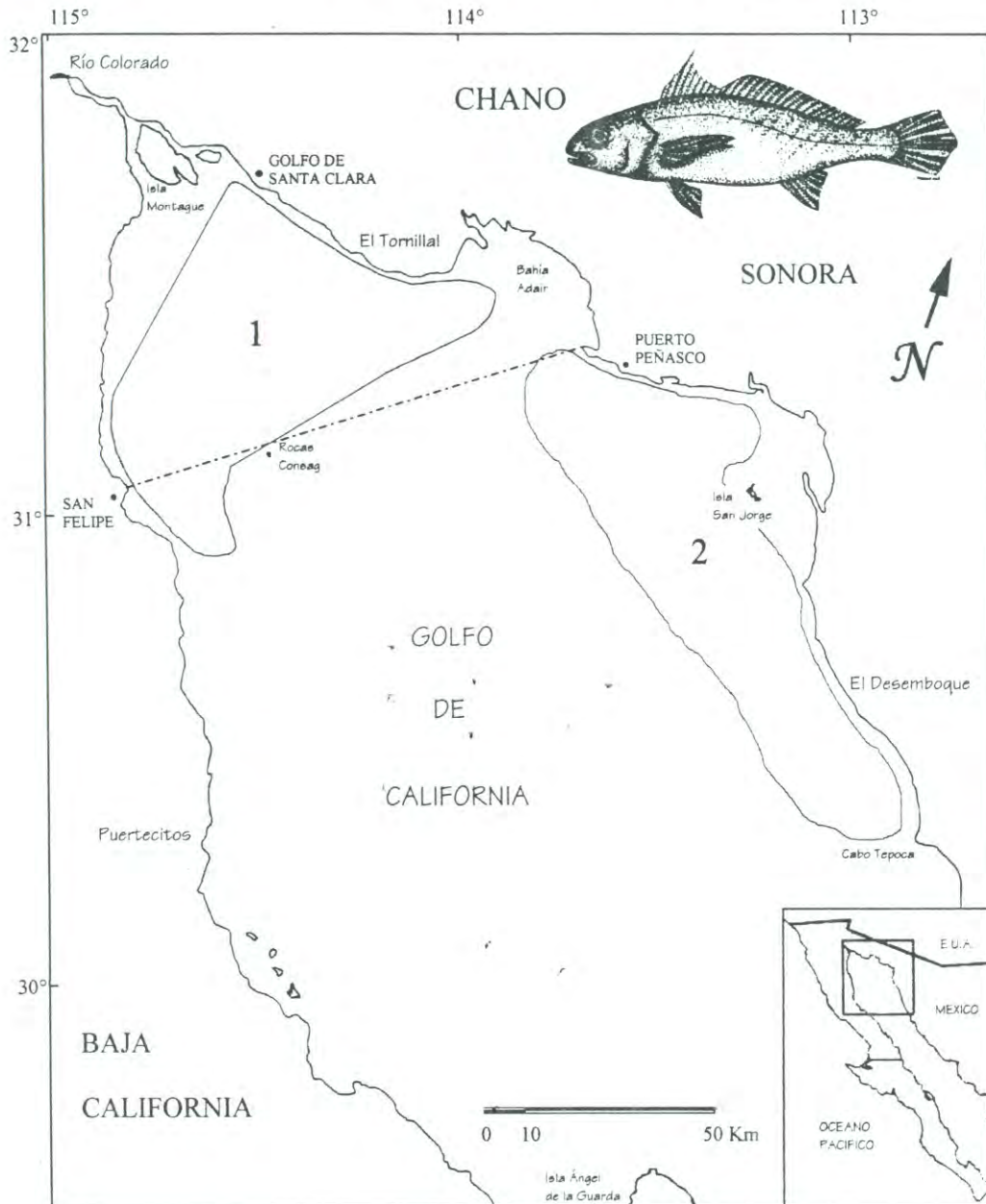


Figura 3.- Localización de los sitios de pesca comercial del chano, *M. megalops*, en el Alto Golfo de California. 1: Zona de pesca de botes con motor fuera de borda. 2: Zona de pesca de barcos escameros. La línea punteada indica el límite sur de la Reserva de la Biosfera Alto Golfo de California y Delta del Río Colorado.

Para la electroforesis horizontal se siguió la metodología descrita por Aebersold, *et al.* (1987, Apéndice 1) y se utilizó gel de almidón al 12 % como medio de soporte. Se analizaron 20 sistemas enzimáticos (Shaw y Prasad, 1970; Shcaal y Anderson, 1974; Abreu-Grobois, 1983; Rosa-Velez, 1986, Apéndice 2) utilizando cuatro soluciones amortiguadoras (Poulik, 1957; Shaw y Koen, 1968; Selander, *et al.* 1971; Ayala, *et al.* 1973, Apéndice 3) para buscar la resolución de al menos 30 loci para cada localidad de recolecta (Tabla I). Para la interpretación de los zimogramas se utilizaron los criterios de Grant y Utter (1980) y Grant, *et al.* (1984). La designación de los loci se hizo de acuerdo con Shaklee, *et al.* (1990) donde se considera al locus mas cercano al cátodo como número 1. Los alelos para los loci polimórficos se designaron utilizando la movilidad electroforética relativa con respecto al alelo mas común, el cual se designó como el alelo "100".

III.3. Análisis de los datos.

Para evaluar la variabilidad genética se utilizaron los datos generados en los zimogramas utilizando los programas BIQSYS-1 (Swofford y Selander, 1981) y Genepop (Raymond y Rousset, 1995). La variabilidad se midió por medio de la heterocigosis promedio, la cual se calculó como la proporción de individuos muestreados que son heterocigotos (Nei, 1978) y el porcentaje de loci polimórficos se consideró a partir de aquellos loci donde la frecuencia del alelo mas común fue igual o menor a 0.95. El número promedio de alelos por locus se calculó como la media aritmética de los alelos del total de loci analizados.

Se probó el ajuste de las frecuencias genotípicas contra la hipótesis de equilibrio de Hardy-Weinberg por medio de una prueba de X^2 . Para todas las pruebas de X^2 se empleó la corrección para pruebas múltiples con el procedimiento secuencial de Bonferroni (Rice, 1989). Se calculó la similitud y distancia genética insesgada de Nei (1978) entre las poblaciones de pesca del área de estudio. Se evaluó la deficiencia o exceso de heterocigotos por medio del estimador $D=H_o-H_e/H_e$, donde H_o es la Heterocigosis observada y H_e es la Heterocigosis esperada.

Tabla I.- Sistemas enzimáticos utilizados, loci detectados y analizados (-) en el chano, *M. megalops*, en el Alto Golfo de California. N.C.E.=Número asignado por la Comisión de Enzimas (IUBNC, 1984).

SISTEMAS ENZIMÁTICOS	N.C.E.	LOCUS	TEJIDO	I	II
Aspartato aminotransferasa	2.6.1.1	- <i>AAT-1*</i>	Hígado	D	2
		- <i>AAT-2*</i>	Corazón		
		- <i>AAT-3*</i>	Hígado		
Fosfatasa ácida	3.1.3.2	- <i>ACP*</i>	Hígado	D	1
Alcohol deshidrogenasa	1.1.1.1	- <i>ADH-1*</i>	Hígado	B	1
		- <i>ADH-2*</i>	Ojo		
		- <i>ADH-3*</i>	Ojo		
Fosfatasa alcalina	3.1.3.1	- <i>AKP*</i>	Hígado	D	1
Esterasas	3.1.1.-	- <i>EST-2*</i>	Hígado	E	1
		- <i>EST-3*</i>	Hígado		
		- <i>EST-5*</i>	Músculo		
Glicerol-3 fosfato deshidrogenasa	1.1.1.8	- <i>G3PDH-1*</i>	Músculo	E	2
		- <i>G3PDH-2*</i>	Músculo		
		- <i>G3PDH-3*</i>	Hígado		
Glucosa-6 fosfato deshidrogenasa	1.1.1.49	- <i>G6PDH-1*</i>	Hígado	A	2
		- <i>G6PDH-2*</i>	Hígado		
Gliceraldehido-3 fosfato deshidrogenasa	1.2.1.12	- <i>GAPDH*</i>	Músculo	C	2
Glutamato deshidrogenasa	1.4.1.3	- <i>GDH-1*</i>	Hígado	E	2
		- <i>GDH-2*</i>	Músculo		
		- <i>GDH-3*</i>	Hígado		
		- <i>GDH-4*</i>	Músculo		
Glucosa-6 fosfato isomerasa	5.3.1.9	- <i>GPI-1*</i>	Hígado	C	1
		- <i>GPI-2*</i>	Músculo		
Isocitrato deshidrogenasa	1.1.1.42	- <i>IDH-1*</i>	Hígado	B	3
		- <i>IDH-2*</i>	Hígado		
Lactato deshidrogenasa	1.1.1.27	- <i>LDH-1*</i>	Ojo	C	1
		- <i>LDH-2*</i>	Ojo		
Enzima málica	1.1.1.40	- <i>MEZ*</i>	Músculo	B	2
Malato deshidrogenasa	1.1.1.37	- <i>MDH-1*</i>	Ojo	C	1
		- <i>MDH-2*</i>	Ojo		
Octanol deshidrogenasa	1.1.1.73	- <i>ODH-1*</i>	Hígado	B	1
		- <i>ODH-2*</i>	Hígado		
Fosfoglucomutasa	5.4.2.2	- <i>PGM*</i>	Músculo	C	2
Proteínas Generales	-----	- <i>PTO-1*</i>	Músculo	D	4
		- <i>PTO-2*</i>	Músculo		
		- <i>PTO-3*</i>	Músculo		
		- <i>PTO-4*</i>	Músculo		
		- <i>PTO-5*</i>	Músculo		
Sorbitol deshidrogenasa	1.1.1.14	- <i>SDH-1*</i>	Músculo	E	2
		- <i>SDH-2*</i>	Hígado		
		- <i>SDH-3*</i>	Músculo		
		- <i>SDH-4*</i>	Hígado		
Superóxido Dismutasa	1.15.1.1	- <i>SOD*</i>	Hígado	E	1
Xantina deshidrogenasa	1.1.1.204	- <i>XDH-1*</i>	Ojo	E	2
		- <i>XDH-2*</i>	Hígado		
		- <i>XDH-3*</i>	Músculo		
		- <i>XDH-4*</i>	Hígado		

D.-Amortiguadores:

A= Tris-Citrato 7.0 (Ayala, *et al.* 1973)
 B= Tris-Maleato 7.4 (Selander *et al.* 1971)
 C= Tris-Citrato 8.0 (Selander *et al.* 1971)
 D= Tris-Citrato 8.7 (Poulik, 1957)
 E= Tris-EDTA-Borato 8.0 (Shaw y Koen, 1968)

II).-Tinción:

1= Shaw y Prasad (1970)
 2= Shcaal y Anderson (1974)
 3= Abreu-Grobois (1983)
 4= Rosa-Velez (1986)

En los loci polimórficos se determinó el coeficiente de diferenciación genética (F_{ST}) y el nivel de endogamia (F_{IT}) para el total de la muestra, además se calculó la endogamia en las localidades de pesca (F_{IS}). Se probó la hipótesis nula $F_{IS}=0$ por medio de $X^2=F_{IS}^2n$, con $k(k-1)$ grados de libertad, en donde “k” es el número de alelos (Li y Horvitz, 1953), así como la hipótesis nula $F_{ST}=0$ utilizando $X^2=F_{ST}^2n$, con $(s-1)(k-1)$ grados de libertad, en donde “s” representa el número de localidades geográficas y k es el número de alelos (Workman y Niswander, 1970). Se utilizó la prueba G log-verosimilitud (Zar, 1984) para el análisis de la heterogeneidad de las frecuencias alélicas en los loci polimórficos así como el procedimiento secuencial de Bonferroni (Rice, 1989). Se estimó el número de migrantes por generación de acuerdo a $N_e m = (F_{ST}^{-1} - 1) / 4$ (Hartl, 1988).

IV. RESULTADOS.

Se analizaron 20 sistemas enzimáticos y se detectaron 47 loci. De éstos, 30 loci de 14 sistemas enzimáticos mostraron suficiente actividad y consistencia en la resolución de los patrones de bandeo para ser interpretados genéticamente para la gran mayoría de los organismos muestreados en ambas localidades (Tabla I). En los 30 loci resueltos, 26 fueron monomórficos y cuatro resultaron polimórficos, *EST-2**, *EST-3**, *XDH-2** y *SOD**.

La variación genética para ambas localidades de muestreo se muestra en la tabla II. El tamaño de muestra por locus para la totalidad del muestreo fue de 56.65 ± 1.00 y en las localidades por separado fue de 51.6 ± 0.80 para Santa Clara y 61.7 ± 1.20 en Puerto Peñasco. Para la totalidad de los organismos analizados la heterocigosis promedio observada fue de 0.010 ± 0.006 y la heterocigosis promedio esperada fue de 0.050 ± 0.030 , mientras que el número promedio de alelos por locus fue de 1.50 ± 0.80 . La heterocigosis y el número de alelos por locus por localidad fue de 0.012 ± 0.007 y 1.50 ± 0.20 para Santa Clara y 0.008 ± 0.005 y 1.53 ± 0.18 para Puerto Peñasco. Se registró el 13.33 % de polimorfismo para ambas muestras (Tabla II). No se detectó desequilibrio por ligamiento en ninguno de los loci analizados.

En la tabla III se observan los loci polimórficos de ambas localidades. El locus *EST-2** evidencia la diferencia mas conspicua con la ausencia de un alelo *EST-2* 114* de alta movilidad en la muestra de Puerto Peñasco. El resto de los loci mostraron los mismos alelos para ambas localidades. La heterocigosis observada por locus fluctuó de 0.000 a 0.402 en Santa Clara y de 0.000 a 0.125 en Puerto Peñasco. Se registraron hasta ocho fenotipos para *EST-2** en la muestra de Santa Clara y sólo siete en la de Puerto Peñasco. El resto de los loci polimórficos presentaron concordancia en la expresión fenotípica para ambas localidades. La totalidad de los loci polimórficos de ambas localidades se encontraron fuera del equilibrio de Hardy-Weinberg, antes y después del análisis secuencial de Bonferroni (Rice, 1989).

Tabla II.- Variabilidad genética del chano, *M. megalops*, en las dos localidades de muestreo en el Alto Golfo de California.

	Santa Clara	Puerto Peñasco
Número de especímenes	55	65
Número de loci analizados	30	30
Número de loci polimórfico al 0.95	4	4
% de loci polimórficos	13.33	13.33
Número promedio de alelos por locus	1.50±0.20	1.53±0.18
Tamaño de muestra por locus	51.6±0.80	61.7±1.20
Heterocigosis promedio (<i>H</i>)		
<i>H</i> Observada	0.012±0.007	0.008±.005
<i>H</i> Esperada	0.070±0.032	0.060±0.029

Tabla III.- Frecuencias alélicas, frecuencias fenotípicas y heterocigosis de acuerdo a la Ley de Hardy-Weinberg en los cuatro loci polimórficos en el chano, *M. megalops*, en el Alto Golfo de California. SC=Santa Clara, PP=Puerto Peñasco.

Locus	Loc	Frecuencias Alélicas						Heterocigosis		Fenotipo	Frecuencias Fenotípicas		p
		93	96	100	104	109	114	Ob	Esp		Obs	Esp	
EST-2*	SC (55)	0.100	0.382	0.382	0.055	0.018	0.064	0.164	0.697	A	19	7.899	0.000
										AB	4	2.697	
										B	0	0.193	
										BC	3	2.697	
										C	19	7.899	
										CE	1	0.771	
										D	5	0.505	
										DE	1	0.202	
	PP (63)	0.040	0.254	0.484	0.032	0.190	0.000	0.063	0.668	A	30	14.640	
										AE	1	1.952	
										C	15	3.968	
										CE	2	1.024	
										D	2	0.080	
										DE	1	0.160	
						F	12	2.208					
EST-3*	SC (55)	0.127	0.818	0.055			0.000	0.314	A	45	36.743	0.000	
									B	7	0.835		
									C	3	0.138		
	PP (65)	0.092	0.877	0.031			0.000	0.223	A	57	49.930		
									B	6	0.512		
									C	2	0.047		
XDH-2*	SC (53)	0.302	0.585	0.113			0.000	0.559	A	31	18.010	0.000	
									B	16	4.724		
									C	6	0.629		
	PP (50)	0.560	0.380	0.060			0.000	0.544	A	19	7.101		
									B	28	15.556		
									C	3	0.152		
SOD*	SC (55)	0.209	0.745	0.045			0.402	0.145	A	37	30.468	0.000	
									AB	1	3.761		
									AC	7	17.303		
									B	2	0.092		
									C	8	2.321		
	PP (64)	0.109	0.875	0.016			0.125	0.224	A	52	48.945		
									AB	2	1.764		
									AC	6	12.346		
									B	0	0.008		
									C	4	0.717		

A pesar de que los loci *MDH-1**, *MDH-2** y *LDH-1** no presentaron suficiente variación para cubrir el criterio de 0.95 y se consideraron monomórficos, se observó una ausencia de alelos de baja frecuencia de manera indistinta entre las zonas de muestreo en Santa Clara y Puerto Peñasco. Se observó una deficiencia de heterocigotos para ambas localidades de muestreo, la fluctuación de los valores fue de -1.000 a -0.638 para Santa Clara y -1.000 a -0.442 para Puerto Peñasco (Tabla IV).

Para el análisis de la heterogeneidad de las frecuencias alélicas entre las localidades, los loci *EST-2** y *XDH-2** resultaron con diferencias altamente significativas y la G total (25.206) mostró que las diferencias entre las localidades son altamente significativa (Tabla V).

Tabla IV.- Deficiencia y exceso de heterocigotos (coeficiente D) para el chano, *M. megalops*, en las localidades de muestreo en Santa Clara y Puerto Peñasco, Alto Golfo de California.

Locus	Santa Clara	Puerto Peñasco
<i>EST-2*</i>	-0.765	-0.905
<i>EST-3*</i>	-1.000	-1.000
<i>XDH-2*</i>	-1.000	-1.000
<i>SOD*</i>	-0.638	-0.442

Tabla V.- Análisis de la X^2 (prueba G log-verosimilitud) para la heterogeneidad de las frecuencias alélicas de los loci polimórficos en el chano, *M. megalops*, en las dos localidades de muestreo en el Alto Golfo de California.

Locus	No. de Alelos	G	p
<i>EST-2*</i>	6	14.072	0.00017
<i>EST-3*</i>	3	0.535	0.42256
<i>XDH-2*</i>	3	7.151	0.00085
<i>SOD*</i>	3	3.446	0.03351
TOTAL	15	25.206	0.00000

La identidad y distancia genética (Nei, 1978) entre las zonas de pesca fue de 0.997 y 0.003 respectivamente. Entre los loci analizados, la identidad fue muy alta fluctuando de 0.888 a 1.000, y la distancia muy baja, oscilando de 0.000 a 0.119 (Tabla VI) por lo que no hay evidencias de individuos de otras especies en la muestra.

Los estadísticos F se muestran en la tabla VII y se observan valores globales de coeficiente de endogamia de 0.862 y de diferenciación genética de 0.027, ambos diferentes de cero y un coeficiente de endogamia total de 0.849. El número de migrantes por generación, considerando el valor de *Fst*, fue de 0.5075, lo que implica un migrante cada dos generaciones.

Tabla VI.- Identidad (I) y distancia genética (D) insesgadas de Nei (1978) para el chano, *M. megalops*, en las dos localidades de muestreo en Santa Clara y Puerto Peñasco, Alto Golfo de California.

Locus	I	D
<i>EST-2*</i>	0.936	0.067
<i>EST-3*</i>	1.000	0.000
<i>XDH-2*</i>	0.888	0.119
<i>SOD*</i>	0.992	0.008

Tabla VII.- Estadísticas F para los cuatro loci polimórficos del chano, *M. megalops*, en las dos localidades de muestreo en el Alto Golfo de California.

Locus	<i>Fis</i>	X^2	<i>Fit</i>	<i>Fst</i>	X^2
<i>EST-2*</i>	0.832	408.120 ^c	0.835	0.019	22.420 ^b
<i>EST-3*</i>	1.000	240.000 ^c	1.000	0.005	2.400 ^{ns}
<i>XDH-2*</i>	1.000	206.000 ^c	1.000	0.049	20.188 ^b
<i>SOD*</i>	0.564	75.706 ^c	0.589	0.022	10.472 ^b
TOTAL	0.862	930.118 ^c	0.849	0.027	55.480 ^b

ns=P>0.05

a=0.01<P<0.05

b=0.001<P<0.01

c=P<0.001

V. DISCUSIÓN.

El valor estimado de la variación genética de *M. megalops* ($H=0.010, \pm 0.006$) en el Alto Golfo de California es menor que los valores de heterocigosis media publicados por Nevo (1978) ($H=0.051, \pm 0.003$) y Ward, *et al.* (1994) ($0.064, \pm 0.004$) para 60 y 57 especies de peces marinos respectivamente, y menor que los estimados de Smith y Fujio (1982) ($H=0.055, \pm 0.036$) para 106 especies de teleosteos marinos. Adicionalmente, estos últimos autores mencionan que los bajos valores de variabilidad genética podrían estar relacionados con la restricción de la distribución de las especies, como es el caso de *M. megalops*. Existen evidencias tendientes a considerar que los estimados de variabilidad genética de peces marinos están relacionados con factores como la capacidad de movilidad de la especie (Selander y Kaufman, 1973), la variación del nicho o la divergencia en el tiempo (Somero y Soulé, 1974), el tamaño real de la población bajo estudio (Fujio y Kato, 1979), la heterogeneidad ecológica (Nevo, 1978; Smith y Fujio, 1982) e incluso una relación entre esta y la capacidad de incremento del número de la población (Mitton y Lewis, 1989). Sin embargo, la diversidad ambiental, considerada ésta como un complejo de factores relacionados con el hábitat y la naturaleza de la especie, tiene una influencia directa sobre los estimados de diversidad genética. Los procesos naturales de sucesión biológica entre poblaciones y comunidades (mutación, recombinación genética, selección natural, emigración e inmigración), la competencia y la ocurrencia de catástrofes naturales son elementos que determinan la dinámica del comportamiento genético (Rhodes y Chesser, 1994). Los impactos humanos sobre las especies y los hábitats como la contaminación, modificación directa de los hábitats y la presión de pesca, son elementos adicionales que las especies y su variabilidad genética cotidianamente enfrentan como parte inherente de esta diversidad ambiental.

Con respecto al resto de los integrantes de la familia Sciaenidae, la heterocigosis estimada en este estudio es mayor que la reportada para *Cynoscion nebulosus* ($H=0.009, \pm 0.005$) (Ramsey y Wakeman, 1987) pero menor que la de su congénere *Micropogonias furnieri* ($H=0.055$) (Levy, *et al.* 1998) y la del resto de los integrantes de la familia como *Sciaenops ocellatus* ($H=0.029, \pm 0.017$, Ramsey y Wakeman, 1987; $H=0.047$, Bohlmeyer y

Gold, 1991), *Atractoscion nobilis* (0.044, Bartley y Kent, 1990), *Genyonemus lineatus* y *Seriphus politus* (0.030 y 0.043 respectivamente, Beckwitt, 1983). Estas diferencias en variabilidad genética inicialmente se deben a la restricción del habitat de ocupación disponible dentro de la distribución de *M. megalops* en el Alto Golfo de California, comparada con la mayoría de las otras especies marinas analizadas por estos autores, que habitan en zonas costeras y oceánicas abiertas donde existe una mayor disponibilidad de habitat para cada una de ellas. A pesar de que Chao (1995) muestra al chano con una distribución amplia en casi toda la costa del Pacífico Mexicano, Castro-Aguirre (1978) desde tiempo atrás, ya indica que esta especie se considera endémica del Golfo de California. Ward, *et al.* (1994) han mencionado que la heterocigosis en peces marinos es mayor que en los dulceacuícolas, debido principalmente a las ilimitadas posibilidades de flujo de genes en las océanos abiertos y a la común existencia de barreras físicas y distribuciones locales para los habitats continentales. La localizada pesquería del chano en el Alto Golfo de California, ejemplifica la restricción de su distribución actual (Cudney-Bueno y Turk-Boyer, 1998) y puede considerarse que una baja heterocigosis es una regla de expresión de la especie. El número promedio de alelos por locus detectado para *M. megalops* (1.52 ± 0.19) muestra pocos alelos por loci, aparentemente en concordancia con la heterocigosis detectada.

El polimorfismo promedio estimado (13.33 %, $P_{0.95}$) para el chano se encuentra dentro de los valores observados para otros integrantes de la familia (Beckwit, 1983; Ramsey y Wakeman, 1987). Sin embargo, se observan grandes fluctuaciones en los polimorfismos estimados entre las mismas especies (Wakeman y Ramsey, 1988; Bartley y Kent, 1990). Para ambas localidades de estudio de *M. megalops*, no se muestran discrepancias en la distribución de los loci polimórficos dentro de las localidades de recolecta. Ayala y Kiger (1984) han mencionado que esta característica de los genomas animales es imprecisa y arbitraria, por lo que no representa, para *M. megalops*, una medida confiable de variación. El polimorfismo de *EST-3** y *XDH-2**, a pesar de no detectarse heterocigotos, es debido a la presencia de tres alelos en la muestra donde el número de individuos del alelo mas común es menor que 0.95. La falta de heterocigotos en estos loci esta relacionada con la probabilidad de que individuos portadores de estos alelos fueran incluidos en las muestras.

La desviación del equilibrio de Hardy-Weinberg (H-W) es un indicador inequívoco de la presencia de un impacto sobre el área de ocupación de *M. megalops* en el Alto Golfo de California. La probabilidad disímil de dos genotipos de ser incluidos en la muestra a analizar en poblaciones no perturbadas, es una de las posibles razones de la desviación de las frecuencias alélicas del equilibrio de H-W (Maynard-Smith, 1989). Sin embargo, la ausencia del alelo *EST-2** 114 en la muestra de Puerto Peñasco y la falta indistinta de alelos observada en los loci no polimórficos (*MDH-1**, *MDH-2**, *LDH-1**) es una evidencia que aparentemente refleja, un impacto sobre la estructura génica de la especie.

La deficiencia de heterocigotos se puede explicar con base en dos causas biológicas, como el efecto de Wahlund y la evidencia de endogamia; y dos fundamentos técnicos, como la diferencia en la probabilidad de los genotipos de ser incluidos en la muestra y los problemas de tinción e interpretación de los zimogramas. El efecto de Wahlund se refiere a que al efectuar el análisis agrupado de subpoblaciones que difieren en frecuencias alélicas, se produce una deficiencia de heterocigotos, menor que la observada en las subpoblaciones. En el análisis conjunto de las muestras obtenidas de las dos zonas de pesca del presente estudio, la deficiencia de heterocigotos es congruente con las diferencias existentes sobre las zonas de pesca. A pesar de los indicios de desviación del equilibrio H-W y del efecto de Wahlund en las muestras analizadas, estos pueden estar enmascarando un efecto más directo y evidente en el área que altere drásticamente las frecuencias de los alelos y que represente, más que un artefacto técnico en el manejo de las muestras: la sobrepesca. Adicionalmente, el coeficiente de endogamia (*F_{is}*) fue muy elevado y el de diferenciación genética (*F_{st}*) muy bajo pero significativo (Hartl, 1988), lo cual indica que la falta de heterocigotos es congruente con un elevado nivel de endogamia. Los altos niveles de endogamia están relacionados con la pérdida de adaptación de una población, reflejada ésta en la pérdida de la fecundidad, viabilidad y éxito reproductivo, y ocasionados por la pérdida de variación genética debido al incremento de la homocigosis (Allendorf y Utter, 1979; FAO/PNUMA, 1984). Nelson y Soulé (1987) mencionan que para poblaciones que han experimentado un exceso en la presión de captura hasta la reducción en número poblacional y de su área de ocupación, así como la reducción de

la variabilidad genética debido a la deriva génica o depresión endogámica, pueden acelerar más este proceso de erosión genética hasta llegar a la extinción.

A pesar de que Ward, *et al.* (1994) mencionan que el número de migrantes es de 10 a 100 veces mayor entre subpoblaciones de especies marinas de amplia distribución contra especies de distribuciones restringidas como las especies dulceacuícolas y estuarinas, la evidencia de apenas un migrante cada dos generaciones entre las dos localidades de muestreo ($N_e m = 0.5075$), es un indicador de diferencias a nivel molecular. Sin embargo, un migrante cada generación sería suficiente para homogenizar estas diferencias, que dentro de su área de distribución, parecen estar más originadas por el grado de erosión de la variabilidad genética y del impacto sobre las abundancias de la población de *M. megalops* en el Alto Golfo de California.

Las consideraciones técnicas del tamaño de muestra son inherentes a la mayoría de los estudios poblacionales, y no sólo a los de variabilidad genética. Sin embargo, para este estudio se consideró un total de 55 y 65 especímenes por localidad de muestreo para minimizar este efecto. Gorman y Renzi, (1979) evidenciaron que la heterocigosis y la diferenciación genética se ve por mucho más afectada por el número de loci incluidos en el análisis que por el número de individuos en la muestra. Adicionalmente, para la problemática de interpretación de los zimogramas, a pesar de no descartar esta posibilidad, si se redujo al excluir del estudio los sistemas enzimáticos que ofrecieron patrones de bándeo difusos y presentaron problemas en la interpretación.

A pesar de la baja resolución con que típicamente se ha caracterizado a la técnica de electroforesis de alozimas, esta representa una herramienta muy consistente y valiosa para el estudio inicial y de visión generalizada de la variabilidad genética y la estructura poblacional de peces, e incluso otros vertebrados (Park y Moran, 1994; Baker, 2000; Crochet, 2000).

Los valores de G y F_{st} son indicadores de diferencias entre las muestras de *M. megalops* en el Alto Golfo. Sin embargo la subdivisión poblacional sugerida por estos datos es poco probable debido a la cercanía geográfica de las localidades de recolecta y a la restringida distribución de la especie. La baja heterocigosis, el bajo número de alelos por locus y la totalidad de los loci polimórficos fuera del equilibrio de H-W producto del análisis de alozimas, son evidencias contundentes de erosión de la variabilidad genética, y además complementarias a los indicadores de diferenciación intrapoblacional. La reducción en el tamaño poblacional debido a los volúmenes de captura, son la causa más probable de esta erosión de la variabilidad genética, el impacto que la pesquería ejerce sobre la población es localizado y evidente a nivel molecular. El mantenimiento de la diversidad genética en cualquier población es directamente dependiente del tamaño efectivo de la población y del número de individuos reproductores, la reducción en este último a niveles bajos tiene marcados efectos sobre los niveles de variación genética (Beardmore, *et al.* 1997).

En un estimado muy conservador sobre el número de individuos extraídos de la población pescada en el Alto Golfo de California, asumiendo un peso promedio de 500 gr por pez, se calcula que se extrajeron más de 12 millones de individuos en 1998 y 1997 (4'029,985 kg y 2'345,930 kg, respectivamente) y más de 10 millones de individuos sólo en 1999 (5'181,425 kg), con base en los registros oficiales de pesca reportados por el gobierno federal (Portillo-Balderrama, com. pers.¹; Pedrín-Osuna, com. pers.²). Para estos estimados es necesario considerar que aún con los datos pesqueros obtenidos a la fecha, no es claro que porcentaje de la población de *M. megalops* se está capturando como pesca comercial dentro de la distribución de la especie en el Golfo de California. Adicionalmente a estos estimados, es necesario sumar el número de individuos capturados por la flota de arrastre de camarón, que como fauna de acompañamiento (pesca incidental) aporta volúmenes de captura considerados por varios autores como muy elevados (Pérez-Mellado y Findley, 1985; Cudney-Bueno y Turk-Boyer, 1998).

-
1. Portillo-Balderrama, R. 2000. SEMARNAP, Subdelegación de Pesca, Paseo Río Sonora, Edificio, Hermosillo, Sonora, México.
 2. Pedrín-Osuna, O. 2000. SEMARNAP, CRIP-Ensenada, Apdo. Postal 1306, Ensenada, Baja California, México.

La concepción Lamarckiana, de que los recursos pesqueros son inagotables, ha ocasionado la reducción de numerosas poblaciones de peces a niveles extremadamente bajos, la desestabilización de ecosistemas marinos y el empobrecimiento de comunidades costeras. La acción humana ha causado drásticas reducciones en muchas de las especies preferidas de peces comestibles y estos cambios, inducidos en la composición y abundancia de plantas y animales marinos, son suficientemente extensivos como para amenazar el funcionamiento de los ecosistemas marinos (Safina, 1995).

El esfuerzo de pesca excesivo sobre especies de distribución restringida al Golfo de California ha sido evidente en el pasado. Los recursos pesqueros del Golfo de California son actualmente considerados vulnerables a los impactos de la pesca comercial no regulada (Musick, *et al.* 2000). La tototaba, el único pez reconocido oficialmente en peligro de extinción a nivel mundial, endémico al Golfo de California y con el Alto Golfo como su única zona de reproducción, es un claro ejemplo del desequilibrio poblacional ejercido a través de la presión de la pesca comercial (Barrera-Guevara, 1990; Lagomarsino, 1991). La curvina golfina, *Cynoscion othonopterus*, representa otra especie endémica más de la familia sciaenidae sobre la cual se está ejerciendo una explotación intensa en su área de reproducción restringida al Alto Golfo (Fischner, *et al.* 1995a; Román-Rodríguez, *et al.* 1999). Adicionalmente se ha observado ya la tendencia de este efecto sobre otras especies de peces marinos-estuarinos de la región sujetos a actividades pesqueras, la mayoría de ellas son reconocidas actualmente como endémicas al Golfo de California y el resto mantienen una distribución casi exclusiva al Golfo de California (Fischer, *et al.* 1995a, 1995b).

La propagación y cultivo de peces marinos se considera actualmente como una parte integral de las prácticas pesqueras (Ferguson, 1994). De esta manera, se hace evidente la necesidad de contar con regulaciones pesqueras adecuadas para cada una de las zona de pesca que mantienen una problemática específica y ofrecen distintas oportunidades de manejo. Estas regulaciones deberán estar fuertemente sostenidas por técnicas a nivel molecular y poblacional que permitan caracterizar la problemática del recurso y adecuar la regulación a la naturaleza de éste y del entorno (FAO/PNUMA, 1984).

Los valores de variabilidad genética y los niveles de endogamia detectados para las localidades de muestreo en la zona de distribución y pesca de *M. megalops* deben ser considerados para diseñar las regulaciones pesqueras necesarias y deberán ser la base de cualquier esfuerzo de recuperación de la población mediante su cultivo para repoblación. La selección de los reproductores del programa deberá incluir al menos ejemplares de ambas zonas de recolecta del presente estudio y más de un método genético para estudiar la variabilidad y estructura de la población.

La sobrepesca del chano en el Alto Golfo de California se desencadenó debido a una falta de abundancia primeramente de la totoaba, y posteriormente del camarón, considerados recursos pesqueros tradicionales de la región y una forma tradicional de subsistencia. La demanda del chano por industrias coreanas para la elaboración de surimi, apoyó el mantenimiento de la actividad pesquera mitigando así un problema de carácter social y económico (Cudney-Bueno y Turk-Boyer, 1998). Sin embargo, el esfuerzo de pesca efectuado a partir de la década de los 90, la creciente demanda del chano como producto y la falta de regulaciones de carácter administrativo-pesquero debido al desconocimiento de su abundancia y estructura poblacional, han complicado su permanencia y estabilidad poblacional en la región. El decreto de la Reserva de la Biosfera Alto Golfo de California y Delta del Río Colorado y la operación de su programa de manejo (SEMARNAP, 1995), que mantienen el aprovechamiento sustentable de los recursos naturales como una de las premisas principales dentro de esta reserva marina, no ha redituado los mismos resultados para todos los recursos sujetos a explotación. Dentro de las necesidades actuales para la reserva, se hace necesaria la promoción y diseño de programas de uso de recursos como acciones inmediatas que garanticen la permanencia de las actividades productivas a largo plazo. La aplicación de regulaciones pesqueras adecuadas a la naturaleza de los recursos y la promoción y elaboración de programas de repoblación a través del cultivo de peces sujetos a explotación pesquera, son estrategias de uso de recursos inmediatas con objetivos a mediano y largo plazo.

La recuperación de especies sobreexplotadas de interés para la pesca a través de la acuicultura es una práctica nueva dentro del esquema de aprovechamiento de recursos marinos en nuestro país. A pesar de la poca evidencia de la rápida recuperación de poblaciones naturales sobreexplotadas después de un prolongado decline, los efectos de la sobrepesca sobre una pesquería monoespecífica pueden ser reversibles (Hutchings, 2000). A nivel internacional existen varios esquemas de pesca-acuicultura de peces marinos sostenidos por el cultivo de juveniles para repoblación con fines pesqueros. Entre ellos, los desarrollados en Japón desde hace varios años, han marcado la pauta en el desarrollo de ranchos marinos o de la acuicultura para la repoblación (Imaizumi, 1993).

Para los sciaenidos, las experiencias sobre repoblación se reducen al programa de repoblación para la pesca comercial del cabaicuo, *Atractoscion nobilis*, en la costa de California (USA) y el norte de Baja California (Vojkovich y Reea, 1983; Bartley y Kent, 1990) y los esfuerzos de reproducción con fines de repoblación sobre la totoaba en el Alto Golfo de California desarrollado por la UABC en Ensenada, Baja California. A pesar del incipiente esfuerzo realizado hasta el momento, la recuperación de especies de interés para la pesca a través de la acuicultura es una necesidad evidente tanto para los propios recursos pesqueros como para los beneficiarios de las pesquerías. En el Alto Golfo de California, es patente la necesidad de promover y desarrollar programas de cultivo de peces sujetos a explotación comercial con fines de repoblación. Además de la totoaba, se debe tomar en cuenta al chano debido a la reducción de su población y de su variabilidad genética y la curvina golfina debido al esfuerzo de pesca ejercido sobre esta población y a la falta de información sobre su condición genética poblacional.

Sladek-Nowlis y Roberts (1999) mencionan a las reservas marinas como una de las alternativas viables para el manejo del esfuerzo de pesca, debido a que acrecentan las capturas de cualquier población de pez sobreexplotada, sobre todo aquellas poblaciones con bajo potencial de crecimiento. Sin embargo, este esquema ha resultado operativo bajo las premisas de exclusión de la pesca dentro de la reserva, permanencia de los adultos dentro del área de la reserva y la libre migración de las larvas a través de los límites de la reserva. Un programa de

repopulación de juveniles del chano, *M. megalops*, a través de su cultivo se deberá sustentar en modelos ya operados para reservas internacionales como el mencionado anteriormente (Sladek-Nowlis y Roberts, 1999). La adaptación de este modelo a la problemática del chano, *M. megalops*, se fundamenta en la captura de adultos maduros como reproductores de la mayor cantidad de sitios de ocupación dentro de su distribución natural, con el propósito de ser manipulados en condiciones de cautiverio y adaptar las tecnologías existentes de inducción al desove y cultivo de juveniles en estanquería rústica. La aplicación de esta estrategia de cultivo favorecerá la repoblación de esta especie en aguas protegidas de la reserva de la biosfera y en su distribución natural, como se propone en el modelo de la figura 4. El programa deberá contemplar la evaluación de la variabilidad genética de los reproductores y de los juveniles cultivados para la repoblación, así como de la variabilidad genética de la población silvestre con el fin de reconocer los cambios influidos en la estructura genética poblacional de la especie y evaluar la efectividad del programa de repoblación (FAO/PNUMA, 1984; FAO, 1994). McEachron, *et al.* (1995) mencionan que la recuperación poblacional del roncador rojo, *S. ocellatus*, en la costa sureste de Estados Unidos, se debe al plan de evaluación y recuperación de la especie, sustentado en la evaluación sistemática del recurso, implementación de regulaciones restrictivas para minimizar la presión de pesca y el desarrollo e implementación de un programa de repoblación de juveniles cultivados y evaluación de sus sobrevivencia. Actualmente el roncador rojo es una especie comercial que se pesca y cultiva en la mayor parte de su distribución en la costa sureste de los Estados Unidos (Chamberlain, *et al.* 1987). Debido a que el diseño de un programa de repoblación no es el propósito de esta tesis, en el Apéndice 4 se incluye un resumen ejecutivo de este planteamiento para la recuperación del chano en el Alto Golfo de California.

El aplicar este modelo operativo a la Reserva del Alto Golfo y Delta del Río Colorado, implicaría prohibir a la pesca del interior de la reserva, ocasionando un problema social debido a la alta dependencia de esta actividad para los usuarios de la reserva. Sin embargo, el mantenimiento de un programa de repoblación de juveniles de *M. megalops* dentro de los límites de la reserva mantendría un nivel adicional de reclutamiento a la población y permitiría el flujo de ésta hacia fuera del área natural protegida. Adicionalmente permitiría la generación

de una actividad económica alternativa a mediano y largo plazo al interior de la reserva. El mantenimiento de un programa de pesca regulada, formaría parte de las actividades de aprovechamiento tradicionales al interior de la reserva.

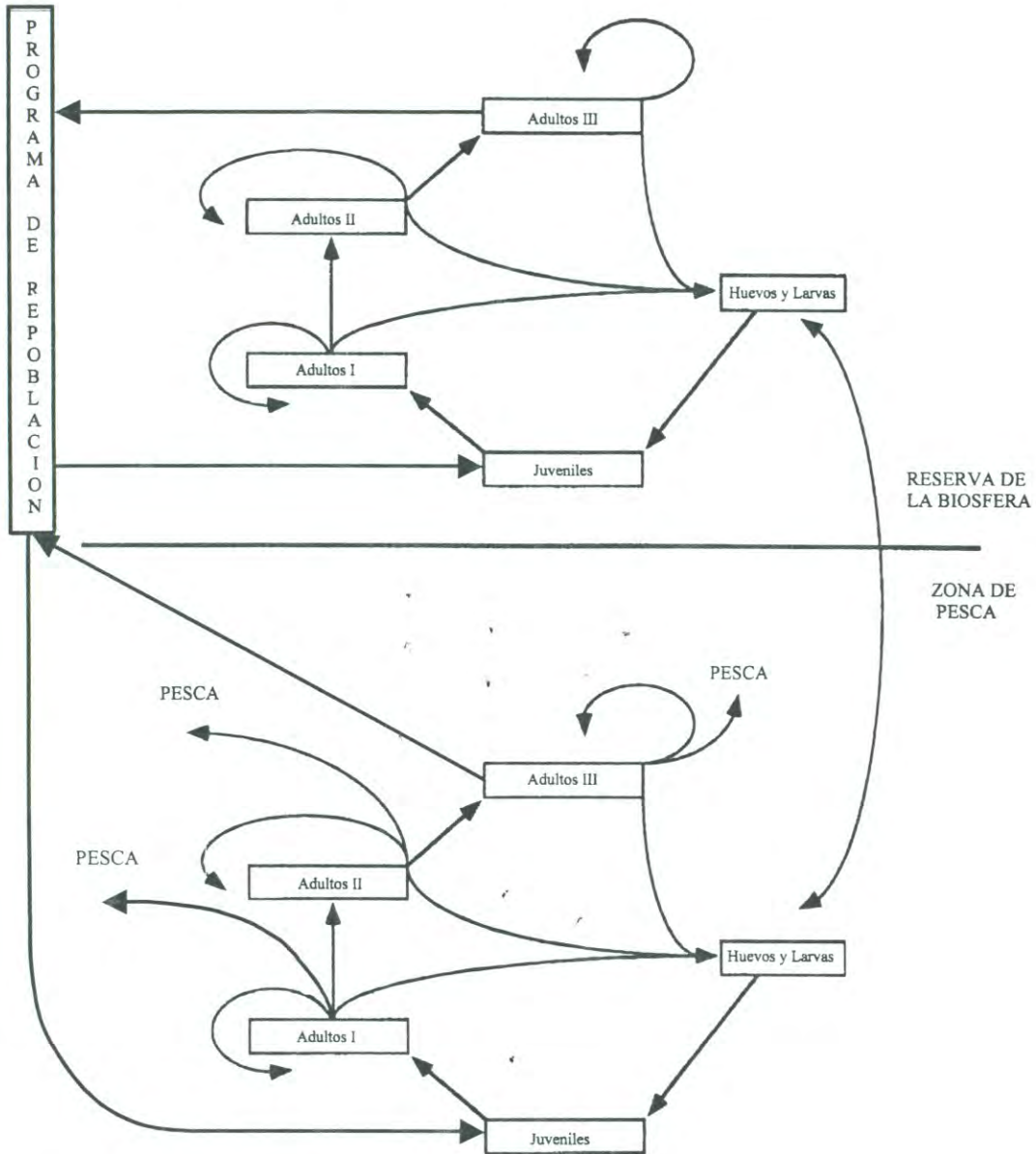


Figura 4.- Modelo para la repoblación con juveniles cultivados y pesca del chano, *M. megalops*, en el Alto Golfo de California. Las líneas rectas y curvas representan la contribución de cada una de las categorías del modelo. Los adultos I, II y III indican las diferentes clases de edad. Se excluye la pesca al interior de la reserva y la pesquería se restringe al exterior de la reserva. Diagrama de Sladek-Nowlis y Roberts (1999) modificado para esta propuesta.

VI. CONCLUSIONES.

La población de *M. megalops* del Alto Golfo de California presenta una variabilidad genética baja, representada por la baja heterocigosis promedio, un bajo número promedio de alelos por locus y un bajo polimorfismo.

Se detectó un elevado coeficiente de endogamia y una escasa migración de individuos entre las localidades de estudio en el Alto Golfo de California.

Los indicadores moleculares analizados evidenciaron una estructura genética poblacional mas compleja de lo esperado.

A pesar de la baja resolución que la caracteriza, la técnica de análisis de alozimas por medio de la electroforesis representó una herramienta muy útil y valiosa para la descripción de la variabilidad genética de la población de *M. megalops*.

La evidencia de erosión genética de la población, producto del análisis de alozimas, es atribuida al excesivo esfuerzo de pesca que se ejerce actualmente sobre la población.

La variabilidad genética requerida para el manejo de la población del chano en condiciones de cautiverio deberá estar representada por al menos 130 especímenes de todos los sitios de su distribución en el Alto Golfo de California.

VII. RECOMENDACIONES.

Se requiere regular el esfuerzo de pesca actual y basarlo en indicadores moleculares relacionados con la variabilidad genética y estructura de la población encontrados en este estudio.

Se requiere implementar el análisis de indicadores biológicos como la ecología reproductiva, tasa de crecimiento y abundancia poblacional como complemento a los indicadores moleculares requeridos.

Se requiere el planteamiento de un programa de cultivo de *M. megalops* para la repoblación de juveniles utilizando la Reserva de la Biosfera Alto Golfo de California y Delta del Río Colorado como parte de la estrategia de aprovechamiento de la población por los usuarios de la reserva.

VIII. LITERATURA CITADA.

- Abreu-Grobois, A. 1983. Population genetics of *Artemia*. Tesis Doctoral, University College of Swansea, 438 p.
- Aebersold, P.B., G.A. Winans, D.J. Teel, G. Milner y F.M. Utter. 1987. Manual for starch gel electrophoresis: A method for the detection of genetic variation. NOAA Technical Report NMFS, 61: 1-19.
- Allendorf, F.W. y F.M. Utter. 1979. Population genetics. pp: 407-454. En: Hoar, W.S., D.J. Randall y J.R. Brett (Eds.). Fish Physiology VIII. Academic Press, Inc. New York, 786 pp.
- Allendorf, F.W., N. Ryman y F.M. Utter. 1987. Genetics in fishery management: Past, present, and future. pp.1-19. En: Ryman, N. y F. Utter (Eds.). Population Genetics and Fishery Management. University of Washington Press. Seattle, 420 pp.
- Alvarez-Jurado, G. 1987. Genética y acuicultura. pp. 1-31. En: Espinosa de los Monteros J. y U. Labarta (Eds.). Genética en Acuicultura. Plan de Formación de Técnicos Superiores, Programa Especial de I+D de Acuicultura, Comisión Asesora de Investigación Científica. Industrias Gráficas España S.L., 274 pp.
- Ardizzone, G.D., S. Cataudella y R. Rossi. 1988. Management of coastal lagoon fisheries and aquaculture in Italy. FAO Fishery Technical Paper, (293): 103 pp.
- Avault, J.W. Jr. 1980. Aquaculture. Pp. 379-411. En: Lackey, R.T. y L.A. Nielsen (Eds.), Fisheries Management. Blackwell Scientific Publications, 422 pp.
- Ayala, F.J., D. Hedgecock, G.S. Zummalt y J.W. Valentine. 1973. Genetic variation in *Tridacna maxima*, an ecological analog of some unsuccessful evolutionary lineages. Evolution, 37: 177-191.
- Ayala, F.J. y J.A. Kiger. 1984. Genética moderna. Fondo Educativo Interamericano. México, 836 pp.
- Baker, A.J. 2000. Protein electrophoresis. pp. 65-88. En: A.J. Baker (Ed.). Molecular Methods in Ecology. Blackwell Science, 325 pp.
- Bardach, J.E., J.H. Ryther y W.O. McLaren. 1986. Acuicultura. Crianza y Cultivo de Organismos Marinos y de Agua Dulce. AGT Editores S.A. México, 741 pp.
- Barrea-Guevara, J.C. 1990. The conservation of *Totoaba macdonaldi* (GILBERT) (Pisces:Sciaenidae), in the Gulf of California, México. Journal of Fish Biology, 37 Supplement A: 201-202.

- Bartley, D.M. y D.B. Kent. 1990. Genetic structure of white seabass populations from the Southern California Bight Region: Applications to hatchery enhancement. California Cooperative Oceanic and Fisheries Investigations Report, 31: 97-105.
- Beardmore, J.A, G.C. Mair y R.I. Lewis. 1997. Biodiversity in aquatic systems in relation to aquaculture. *Aquaculture Research*, 28: 829-839.
- Beckwitt, R. 1983. Genetic structure of *Genyonemus lineatus*, *Seriphus politus* (Sciaenidae) and *Paralabrax clathratus* (Serranidae) in Southern California. *Copeia*, 3: 691-696.
- Bernardino, F.N.V. 2000. Review of aquacultural development in Portugal. *Journal of Applied Ichthyology*, 16(4/5): 196-199.
- Berdegúe, A.J. 1955. La pesquería de la Totoaba (*Cynoscion macdonaldi*) en San Felipe, Baja California. *Revista de la Sociedad Mexicana de Historia Natural*, 34: 293-300.
- Bohlmeyer, D.A. y J.R. Gold. 1991. Genetic studies in marine fishes: II: A protein electrophoretic análisis of population structure in the red drum *Sciaenops ocellatus*. *Marine Biology*, 108: 197-206.
- Brown, E.E. 1983. *World Fish Farming: Cultivation and Economics*. The Avi Publishing Company. Westport Connecticut, 516 pp.
- Brown, L.B. y R.W. Chapman. 1991. Gene flow and mitochondrial DNA variation in the killifish, *Fundulus heteroclitus*. *Evolution*, 45(5): 1147-1161.
- Carvalho, G.R. y L. Hauser. 1994. Molecular genetics and the stock concept in fisheries. *Reviews in Fish Biology and Fisheries*, 4: 326-350.
- Castro-Aguirre, J.L. 1978. Catálogo sistemático de los peces que penetran a las aguas continentales de México con aspectos zoogeográficos y ecológicos. Dirección General del Instituto Nacional de Pesca. Serie Científica, 19: 298 pp.
- Chamberlain, G.W., R.J. Miget y M.G. Haby. 1987. Manual on red drum aquaculture. Conference Draft, Second Printing. Texas Agricultural Extension Service, Sea Grant College Program, Texas A & M University.
- Chao, N.L. 1995. Sciaenidae: Corvinas, barbiches, bombaches, corvinatas, corvinetas, corvinillas, lambes, pescadillas, roncaños, verrugatos. pp. 1427-1518. En: Fischer, W., F. Krupp, W. Schneider, C. Sommer, K.E. Carpenter y V.H. Niem (Eds.). Guía para la identificación de especies para los fines de la pesca. Pacífico Centro-Oriental. Vol. III. Vertebrados-Parte 2. Roma FAO, 1201-1813 pp.

- Crawford, M.K., C.B. Grimes y N.E. Buroker. 1988. Stock identification of weakfish, *Cynoscion regalis*, in the Middle Atlantic Region. Fishery Bulletin, 87(1) :205-211.
- Crochet, P.A. 2000. Genetic structure of avian populations-allozymes revisited. Molecular Ecology, 9(10): 1463-1469.
- Cudney-Bueno, R. y P.J. Turk-Boyer. 1998. Pescando entre mareas del Alto Golfo de California. Una guía sobre la pesca artesanal, su gente y sus propuestas de manejo. CEDO Intercultural, Serie Técnica, No. 1: 1-166 pp.
- Diario Oficial de la Federación. 1975. Julio-Agosto. Tomo CCVIII No., 43: 1-2 pp.
- FAO. 1994. Informe de la consulta de expertos sobre los recursos genéticos acuáticos. Grottaferrata, Italia, 9-13 de noviembre de 1992. FAO Informe de Pesca, 491: 60 pp.
- FAO/PNUMA, 1984. Conservación de los recursos genéticos de los peces: problemas y recomendaciones. Informe de la consulta de expertos sobre los recursos genéticos de los peces. FAO Documento Técnico de Pesca, 217: 42 pp.
- Fischcer, W., F. Krupp, W. Schneider, C. Sommer, K.E. Carpenter y V.H. Niem. 1995a. Guía FAO para la identificación de especies para los fines de la pesca. Pacífico centro-oriental. Volumen III. Vertebrados - Parte 2: 1201-1813. FAO. Roma.
- Fischcer, W., F. Krupp, W. Schneider, C. Sommer, K.E. Carpenter y V.H. Niem. 1995b. Guía FAO para la identificación de especies para los fines de la pesca. Pacífico centro-oriental. Volumen II. Vertebrados - Parte 1: 647-1200. FAO. Roma.
- Ferguson, M. 1994. The role of molecular genetic markers in the management of cultured fishes. Reviews in Fish Biology and Fisheries, 4: 272-299.
- Fujio, Y. y Y. Kato. 1979. Genetic variation in fish populations. Bulletin of Japanese Society of Scientific Fisheries, 45(9): 1169-1178.
- Gold, J.R. Á. Y. Kristmundsdóttir y L.R. Richardson. 1997. Mitochondrial DNA variation in king mackarel (*Scomberomorus cavalla*) from the western Atlantic Ocean and Gulf of Mexico. Marine Biology, 129: 221-232.
- Gold, J.R., K.M. Kedzie, D.A. Bohlmeier, J.D. Jenkin, W.J. Karel, N. Iida y S.M. Carr. 1988. Studies on the basic structure of the red drum (*Sciaenops ocellatus*) genome. Contributions to Marine Science, supp. to Vol., 30: 57-62.
- Gold, J.R., L.R. Richardson, T.L. King y G.C. Matlock. 1993. Temporal stability of nuclear gene (allozyme) and mitochondrial DNA genotypes among red drums from the Gulf of Mexico. Transactions of the American Fisheries Society, 122: 659-668.

- Gold, J.R. y L.R. Richardson. 1994. Genetic distinctness of red drum (*Sciaenops ocellatus*) from Mosquito Lagoon, east-central Florida. *Fishery Bulletin*, 92: 58-66.
- Gorman, G.C. y J. Renzi Jr. 1979. Genetic distance and heterozygosity in electrophoretic studies: effects of sample size. *Copeia*, 2: 242-249.
- Grant, W.S. y F.M. Utter. 1980. Biochemical genetic variation in walleye pollock, *Theragra chalcogramma*: Population structure in the southeastern Bering Sea and the Gulf of Alaska. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 37: 1093-1100.
- Grant, W.S., D.J. Teel y T. Kobayashi. 1984. Biochemical population genetics of Pacific halibut (*Hippoglossus stenolepis*) and comparison with Atlantic halibut (*H. hippoglossus*). *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 41: 1083-1088.
- Grijalva-Chon, J.M. 1999. Como diferenciar poblaciones en recursos pesqueros. *Panorama Acuicola*, 5(1): 42-43.
- Grijalva-Chon, J.M., K. Numachi, O. Sosa-Nishizaki, y J. de la Rosa-Vélez. 1994. Mitochondrial DNA analysis of North Pacific swordfish (*Xiphias gladius*) population structure. *Marine Ecology Progress Series*, 115: 15-19.
- Grijalva-Chon, J.M., J. Rosa-Vélez, de la y O. Sosa-Nishizaki. 1996. Allozyme variability in two samples of swordfish, *Xiphias gladius* L., in the North Pacific Ocean. *Fishery Bulletin*, 94: 589-594.
- Hartl, D.L. 1988. A primer of population genetics. Sinauer Associates, Inc. Sunderland, Massachusetts, 305 pp.
- Hutchings, J.A. 2000. Collapse of marine fishes. *Nature*, 406: 882-885.
- Imaizumi, K. 1993. Recent progress of Japan sea-farm association in marine finfish hatchery activities. *TML Conference Proceedings*, 3: 173-177.
- Ihssen, P.E., H.E. Brook, J.M. Casselman, J.M. McGlade, N.R. Payne y F.M. Utter. 1981. Stock identification: materials and methods. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 38: 1838-1855.
- IUBNC (International Union of Biochemistry, Nomenclature Committee). 1984. *Enzyme Nomenclature 1984*. Academic Press. Orlando, Florida, 646 pp.
- Lagomarsino, I. 1991. Endangered species status review, *Totoaba macdonaldi*. National Marine Fisheries Service Southwestern Region, Administrative Report SWR-91-01, 9 pp.

- Levy, J.A., R. Maggioni y M.B. Conceição. 1998. Close genetic similarity among populations of the white croaker (*Micropogonias furnieri*) in the south and south-eastern Brazilian coast. I. Allozyme studies. *Fisheries Research*, 39: 87-94.
- Li, C.C. y D.G. Horvitz. 1953. Some methods of estimating the inbreeding coefficients. *American Journal of Human Genetics*, 5:,107-117.
- Lowe-McConnell, R.H. 1966. The sciaenid fishes of British Guiana. *Bulletin of Marine Sciences*, 16(1):,21-57.
- Marquez-Arias, A., B. Mas-Alvarez, Ö. Palla-Sagües y J.A. Tiana-Mariscal. 1982. *Piscicultura Marina*. Fundación del Instituto Nacional de Industria. Madrid, 110 pp.
- Matus-Nivon, E., R. Ramírez-Sevilla, R. Martínez-Pecero y J.L. Ortiz-Galindo. 1990. Potencial acuacultural de ocho especies de peces marinos del Pacífico Mexicano, con base en su biología temprana. pp: 67-74. En: G. de la Lanza-Espino y J.L. Arredondo-Figueroa, (Eds.). *La Acuicultura en México: de los conceptos a la producción*, Instituto de Biología, UNAM, México, 315 pp.
- Maynard Smith, J. 1989. *Evolutionary genetics*. Oxford University Press, Oxford, 325 pp.
- McEahron, L.W. C.E. McCarty y R.R. Vega. 1995. Beneficial uses of marine fish hatcheries: Enhancement of red drum in Texas coastal waters. *American Fisheries Society Symposium*, 15: 161-166.
- Meske, C. 1985. *Fish Aquaculture, Technology and Experiments*. Pergamon Press, 237 pp.
- Mitton, J.B. y W.M. Lewis Jr. 1989. Relationships between genetic variability and life-history features of bony fishes. *Evolution*, 43(8): 1712-1723.
- Musick, J.A., S.A. Berkeley, G.M. Caillet, M. Cambi, G. Huntsman, M. Nammack y M.L. Warren, Jr. 2000. Protection of marine fish stocks at risk of extint. *Fisheries*, 25(3): 6-8.
- Murphy, R.W., J.W. Sites, Jr., D.G. Buth y C.H. Haufler. 1990. Proteins I: Isozyme electrophoresis. pp. 45-126. En: Hills, D.M. y C. Moritz (eds), *Molecular Systematics*, Sinauer Associates, Inc. Sunderland, Massachusetts, USA., 588 pp.
- Nei, M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, 98: 583-590.
- Nei, M. 1987. *Molecular Evolutionary Genetics*. Columbia University Press. New York, USA, 512 pp.

- Nelson, K. y M. Soulé. 1987. Genetical conservation of exploited fishes. 345-368. En: N. Ryman y F. Utter (Eds.). Population Genetics and Fishery Management. Washington Sea Grant, Seattle, 420 pp.
- Nevo, E. 1978. Genetic variation in natural populations: Patterns and theory. Theoretical Population Biology, 13: 121-177.
- Park, L.K. y P. Moran. 1994. Developments in molecular genetics techniques in fisheries. Reviews in Fish Biology and Fisheries, 4: 272-299.
- Pérez-Mellado, J. y L.T. Findley. 1985. Evaluación de la ictiofauna acompañante del camarón comercial en las costas de Sonora y Sinaloa. pp. 201-253. En: Yáñez-Arancibia A. (Ed.). Recursos Pesqueros Potenciales de México: La pesca acompañante del camarón. Instituto de Ciencias del Mar y Limnología UNAM, Instituto Nacional de la Pesca, Secretaría de Pesca. México, 745 pp.
- Pérez-Salmeron, L.A. 1982. Piscicultura: Ecología, Explotación, Higiene. Editorial El Manual Moderno, México, D.F., 154 pp.
- Poulik, M.D. 1957. Starch gel electrophoresis in a discontinuous system of buffers. Nature, 180: 1477-1479.
- Raymond, M. y F. Rousset. 1995. GENEPOP (versión 1.2): population genetics software for exact tests and ecumenicism. Journal of Heredity, 86: 248-249
- Ramsey, P.R. y J.M. Wakeman. 1987. Population structure of *Sciaenops ocellatus* and *Cynoscion nebulosus* (Pisces: Sciaenidae): Biochemical variation, genetic subdivision and dispersal. Copeia, 3: 682-695.
- Rice, W.R. 1989. Analysing tables of statistical tests. Evolution, 43: 223-225.
- Rhodes, O.E. y R.K. Chesser. 1994. Genetic concepts for habitat conservation: the transfer and maintenance of genetic variation. Landscape and Urban Planning, 28: 55-62.
- Rodríguez-Aguilera, N.E. 1996. Electroforesis. pp. 97-110. En: González-Morán, M.G. (ed.). Técnicas en Biología Celular, Teoría y Práctica, AGT Editores S.A. México, 208pp.
- Rodríguez-Romero, F. y M. Gasca de la Oca, 1999. La genética y sus aplicaciones en el desarrollo de la camaronicultura moderna. En: Martínez-Córdova L. (Ed.). Cultivo de Camarones Peneidos, Teoría y Práctica. AGT Editores, México, 283 pp.
- Román-Rodríguez, M.J., R. Castro-Longoria y J.R. Campoy-Favela. 1999. Observaciones sobre la biología y pesquería de la curvina golfinca (*Cynoscion othonopterus*) en el Alto Golfo de California. pp. 44. En: Memorias del VII Congreso de la Asociación de

- Investigadores del Mar de Cortes, A.C. y I Simposium Internacional sobre el Mar de Cortes. Hermosillo, Sonora, México, del 25 al 28 de Mayo de 1999. 28 pp.
- Rosa-Velez, 1986. Variabilidad genética poblacional en ostiones de la especie *Crassostrea virginica* del Golfo de México. Tesis Doctoral, UNAM 124 p.
- Rosa-Vélez, J. de la, y F. Rodríguez-Romero, 1990. Enfoque genético para el análisis de poblaciones de recursos pesqueros: El caso de la población ostrícola de la Laguna de Términos Campeche. pp:255-284. En: Rosa V.J. de la y F. González-Farias (Eds.). Temas de Oceanografía Biológica en México. Ensenada, 337 pp.
- Safina, C. 1995. The world's imperiled fish. Scientific American. 273(5): 30-37.
- Sayito, K. 1998. Genetic variation and local differentiation in the Pacific cod *Gadus macrocephalus* around Japan revealed by mtDNA and RAPD markers. Fisheries Research, 64(5): 673-679.
- Selander, R.K. y D.W. Kaufman. 1973. Genetic variabilities and strategies of adaptation in animals. Proceedings of the National academy of Science USA, 70: 1875-1877.
- Selander, R.K., M.H. Smith, J.Y. Yang, W.E. Johnson y J.B. Gentry. 1971. Biochemical polymorphism and systematics in the Genus *Peromyscus* I, Variation in the old field mouse (*Peromyscus polionatus*). Stud. Genet. VI. Univer. Texas Publ., 7103: 49-90.
- SEMARNAP. 1995. Programa de manejo de la Reserva de la Biosfera Alto Golfo de California y Delta del Río Colorado. Instituto Nacional de Ecología, SEMARNAP.
- Shaklee, J.B. F.W. Allendorf, D.C. Moritz y G.S. Whitt. 1990. Gene nomenclature for protein-coding loci in fish. Transactions of the American Fisheries Society, 119: 2-15.
- Shaw, C.R. y A.L. Koen. 1968. Starch gel zone electrophoresis of enzymes. pp. 325-364. En: Smith, I (Ed.). Chromatographic and Electrophoresis Technics. Chapter 9, Vol. II Interscience.
- Shaw, C.R. y R. Prasad. 1970. Starch gel electrophoresis of enzymes A compilation of recipes. Biochem. Genet. 4:297-320.
- Shcaal, B.A. y W.W. Anderson. 1974. An outline of techniques for starch gel electrophoresis of enzymes from the American oyster *Crassostrea virginica* Gmelin. Technical Report Series No. 74-3. Georgia Marine Science Center.
- Sladek-Nowlis, J. y C. M. Roberts. 1999. Fisheries benefits and optimal design of marine reserves. Fishery Bulletin, 97: 604-616.

- Smith, P.J., P.G. Benson y S.M. McVeagh. 1997. A comparison of three genetic methods used for stock discrimination of orange roughy, *Hoplostethus atlanticus*: allozymes, mitochondrial DNA, and random amplified polymorphic DNA. *Fishery Bulletin*, 95: 800-811.
- Smith, P.J. y Y. Fujio, 1982. Genetic variation in marine teleosts: High variability in habitat specialists and low variability in habitat generalists. *Marine Biology*, 69: 7-20.
- Somero, G.N. y M. Soulé. 1974. Genetic variation in marine fishes as a test of the niche-variation hypothesis. *Nature*, 249: 670-672.
- Suzuki, H., A.E.A. de M. Vazzoler y P. Van-Ngan. 1983. Estudo electroforético de proteínas de músculo esquelético de *Micropogonias furnieri* (Desmarest, 1823) da costa SE-E do Brasil. *Bol. Instituto Oceanográfico, Sao Paulo*, 32(2): 153-165.
- Swofford, D. y R. Selander. 1981. BIOSYS-1- A fortran program for the comprehensive analysis of electrophoresis data in population genetics and systematics. *Journal of Heredity*, 72: 281-283.
- Ungson, J.L., Y. Matsuda y H. Hirata. 1995. Ranching the red sea bream in Japan. *World Aquaculture*, 26(1): 6-12.
- Utter, F.M. 1991. Biochemical genetics and fishery management: An historical perspective. *Journal of Fish Biology*, 39(Supp. A): 1-20.
- Utter, F.M., H.O. Hodgins y F.W. Allendorf. 1974. Biochemical genetic studies of fishes: potentialities and limitations. pp. 213-238. En: Malins, D.C. y J.R. Sargent, (Eds.). *Biochemical and Biophysical Perspectives in Marine Biology*. Vol. 1, Academic Press. London 343 pp.
- Utter, F.M. y N. Rayman. 1993. Genetic markers and mixed stock fisheries. *Fisheries*, 18: 11-21.
- Vojkovich, M y R.J. Reed. 1983. White sea bass, *Atractoscion nobilis*, in California-Mexican waters: status of the fishery. *California Cooperative Oceanic and Fisheries Investigations Report*, 24: 79-83.
- Wakeman, J.M. y P.L. Ramsey. 1988. Population structure and genetic variation in red drum. *Contributions in Marine Science, Supplement to vol 30*: 49-56.
- Ward, R.D., M. Woodwark y D.O.F. Skibinski. 1994. A comparison of genetic diversity levels in marine, freshwater, and anadromous fishes. *Journal of Fish Biology*, 44: 213-232.

- Ward, R.D., N.G. Elliott, B.H. Innes, A.J. Smolenski, y P.M. Grewe. 1997. Global population structure of yellowfin tuna *Thunnus albacares*, inferred from allozyme and mitochondrial DNA variation. *Fishery Bulletin*, 95: 566-575.
- Ward, R.D. y P. M. Grewe. 1994. Appraisal of molecular genetic techniques in fisheries. *Reviews in Fish Biology and Fisheries*, 4: 300-325.
- Wheaton, F.W. 1977. *Acuicultura - Diseño y Construcción de Sistemas*. AGT Editor, S.A. 704 pp.
- Workman, P.L. y Niswander, J.D. 1970. Population studies on Southwestern Indian Tribes. II Local genetic differentiation in the Papago. *American Journal of Human Genetics*, 22: 24-29.
- Write, J.M. y P. Bentzen. 1994. Microsatellite: genetic markers for the future. *Revisions of Fish and Fisheries*, 4: 384-388.
- Zapata, C. 1987. La variabilidad genética de las poblaciones. pp. 33-57. En: Espinosa de los Monteros J. y U. Labarta (Eds.). *Genética en Acuicultura*. Plan de Formación de Técnicos Superiores, Programa Especial de I+D de Acuicultura, Comisión Asesora de Investigación Científica. Industrias Gráficas España S.L., 274 pp.
- Zar, J.H. 1984. *Biostatistical analysis*. Prentice may. Englewood Cliffs, New Jersey, 718 pp.

IX.- APÉNDICES.

IX.1.- Apéndice 1.

Preparación del Gel de Almidón.

Para la preparación del gel al 12% se pesaron 52.8 g de almidón hidrolizado de papa (Sigma S-4501) y se agregaron a 140 ml de solución amortiguadora específica a temperatura ambiente en un matraz kitazato de 2 l agitando constantemente hasta lograr su suspensión. Posteriormente se agregaron 300 ml de solución amortiguadora específica en su punto de ebullición y se agitó vigorosamente hasta lograr una mezcla homogénea, e inmediatamente se procedió a calentar el gel hasta su ebullición para lograr ahora una mezcla uniforme opalescente, espesa y viscosa. Posterior al calentamiento se procedió a eliminar el aire de la mezcla de almidón en ebullición mediante una bomba de vacío conectada a dos kitazatos de 1 l y 0.5 l mantenidos en hielo granulado para condensar los vapores de extracción por un periodo de 40 segundos, proporcionando una leve agitación a la mezcla de almidón.

Seguidamente se procedió a vaciar la mezcla de almidón caliente sobre un molde rectangular de madera de 10.5 x 18 x 1 cm con tapas de vidrio claro de 5 mm de espesor, de acuerdo a las dimensiones de la charola electroforética EC MAXICELL EC3650M, y se eliminaron las burbujas con una pipeta Pasteur para cubrirse cuidadosamente con un vidrio y dejarlo enfriar por espacio de 4 a 12 horas.

Los geles ya fríos fueron cortados en su largo a 2.5 cm del borde catódico con una hoja de metal y separadas ambas partes para insertar las mechas de 0.3 x 11 mm de papel Wathman No. 3 empapadas en los homogenizados de los tejidos de los peces. Cada mecha de papel representó un tipo de tejido de individuo de la muestra y al final de cada serie se colocó una mecha empapada en bromofenol al 0.002 % como indicador de la velocidad del frente de avance de la electroforesis.

El gel conteniendo las mechas, se colocó en la charola electroforética para luego verter la solución amortiguadora específica en los depósitos de la charola y ponerla en contacto con la matriz del gel mediante la construcción de puentes de papel Wathman No. 3 de 19 x 7.5 cm. El molde con el gel se cubrió con un vidrio y se procedió a colocarlo a temperatura de 4° C en un refrigerador casero y conectarlo a una fuente de poder Hoefer 500 XT para dar inicio a la corrida electroforética. Las condiciones de voltaje, miliamperaje y tiempo de corrida se especifican para cada una de las soluciones amortiguadoras utilizadas en el Apéndice 2. A los 15 minutos después de iniciada la corrida electroforética fueron retiradas las mechas de la matriz del gel y se aseguró de mantener el gel unido a nivel del origen.

Una vez terminada la electroforesis, se procedió a obtener de una a cinco rebanadas del gel de 3 a 2 mm de espesor, para ser reveladas individualmente en contenedores plásticos con mezclas histoquímicas específicas de acuerdo al sistema enzimático bajo análisis a una temperatura de incubación de 37° C. Una vez obtenido el patrón de bandeo, se procedió a eliminar la mezcla histoquímica de tinción y detener la reacción al agregar la solución fijadora y desteñidora. En el Apéndice 3 se detallan los protocolos y proporciones de las mezclas utilizadas en la preparación de las mezclas histoquímicas de tinción y la solución fijadora y desteñidora. Las rebanadas de los geles con los patrones de bandeo obtenidos (zimogramas) fueron colocados individualmente en bolsas de plástico y rotulados para el análisis e interpretación de los resultados.

IX.2.- Apéndice 2.

Soluciones Amortiguadoras y Condiciones de las Corridas Electroforéticas.

Todos los pH de las soluciones amortiguadoras fueron ajustados con soluciones diluidas de hidróxido de sodio y ácido clorhídrico. Las citas para cada amortiguador se encuentran en la literatura citada.

Amortiguador A (Tris-Citrato) Ayala, *et al.* (1973).

<i>Electrodo</i>		
pH=7.0	Tris	0.135 M
	Ácido Cítrico	0.045 M
	EDTA	0.0012 M
<i>Gel</i>		
pH=7.0	Tris	0.009 M
	Ácido Cítrico	0.003 M
	EDTA	0.0012 M
<i>Condiciones de la corrida</i>		
	Voltaje=125 V	
	Corriente=50 mA	
	Tiempo=12 hrs	

Amortiguador B (Tris-Maleato) Selander, *et al.* (1971).

<i>Electrodo</i>		
pH=7.4	Tris	0.100 M
	Ácido Maléico	0.100 M
	EDTA	0.010 M
	Cloruro de Magnesio	0.010 M
<i>Gel</i>		
	Diluir solución del electrodo 1:9	
<i>Condiciones de la corrida</i>		
	Voltaje=100 V	
	Corriente=50 mA	
	Tiempo=5 hrs	

Amortiguador C (Tris-Citrato Continuo) Selander, et al. (1971).

<i>Electrodo</i>		
pH=8.0	Tris	0.687 M
	Ácido Cítrico	0.157 M
<i>Gel</i>		
pH=8.0	Tris	0.00228 M
	Ácido Cítrico	0.00522 M
<i>Condiciones de la corrida</i>		
Voltaje=75 V		
Corriente=50 mA		
Tiempo=12 hrs		

Amortiguador D (Tris-Citrato) Poulik (1957).

<i>Electrodo</i>		
pH=8.3	Tris	0.30 M
	Hidróxido de Sodio	0.06 M
<i>Gel</i>		
pH=8.7	Tris	0.076 M
	Ácido Cítrico	0.005 M
<i>Condiciones de la corrida</i>		
Voltaje=150 V		
Corriente=50 mA		
Tiempo=12 hrs		

Amortiguador E (Tris-Edta-Borato) Shaw y Koen (1968).

<i>Electrodo</i>		
pH=8.0	Tris	0.5 M
	EDTA	0.02 M
	Ácido Bórico	0.65
<i>Gel</i>		
Diluir solución electrodo 1:9		
<i>Condiciones de la corrida</i>		
Voltaje=135 V		
Corriente=50 mA		
Tiempo=12 hrs		

IX.3.- Apéndice 3.

Sistemas Enzimáticos y Soluciones Stock Empleadas.

Sistemas Enzimáticos.

Las cantidades que se indican para cada sistema enzimático son para 50 ml de solución, cantidad requerida para una rebanada de gel. Entre paréntesis se incluye el número asignado por la Comisión de Enzimas (IUBNC, 1984).

AAT (2.6.1.1)	
Solución sustrato AAT	25.0 ml
Azul rápido BB	0.125 g
Agua destilada	25.0 ml

Post-uni3n: Tomar 5 ml de la soluci3n sustrato y agua y agregarle el azul r1pido BB. Incorporar al gel despu3s de 15 minutos de incubaci3n a 37° C.

Soluci3n sustrato AAT pH 7.4	
1cido α -Cetoglut1rico	0.01825 g
1cido L-Asp1rtico	0.0665 g
Polivinilpirrolidona	0.25 g
EDTA-Na ₂	0.025 g
Na ₂ HPO ₄	0.71 g
Agua destilada	25.0 ml

Esta soluci3n se puede guardar en refrigeraci3n por un per3odo no mayor a 30 d3as.

ACP (3.1.3.2)	
1-Naftil fosfato 1cido	0.05 g
Azul r1pido BB	0.05 g
Acetato de sodio 0.05 M pH 5.0	50.0 ml

ADH (1.1.1.1)	
Etanol 95%	2.5 ml
NAD	0.025 g
MTT 1%	1.5 g
PMS 0.1%	1.0 ml
Amortiguador de fosfatos 0.5 M pH 7.0	5 ml
Agua	40.0 ml

AKP (3.1.3.1)

1-Naftil fosfato ácido	0.025 g
Azul rápido BB ^a	0.025 g
Sulfato de magnesio anhidro	0.030 g
Amortiguador de boratos pH 9.7	50.0 ml

^aAgregar después del amortiguador de boratos.

Esterasas (3.1.1.-)

Azul rápido BB	0.05 g
Solución sustrato EST	1.5 g
Tris-HCL 0.5 M pH 7.1	5.0 ml
Agua destilada	43.5 ml

Solución sustrato EST

1 Naftil acetato	0.05 g
2-Naftil acetato	0.05 g
Acetona	2.5 ml
Agua destilada	2.5 ml

G3PDH (1.1.1.8)

NAD	0.025 g
Solución sustrato G3PDH	5.0 ml
MTT 1%	1.5 ml
PMS 0.1%	1.0 ml
Tris-HCL 0.5 M pH 7.1	7.5 ml
Agua destilada	35.0 ml

Solución sustrato G3PDH

DL- α -Glicerofosfato	1.08 g
Agua destilada	5.0 ml

G6PDH (1.1.1.49)

Glucosa 6 fosfato	0.08 g
NADP	0.015 g
MTT 1%	1.0 ml
PMS 0.1%	1.0 ml
Tris-HCL 0.5 M pH 7.1	12.5 ml
Agua destilada	35.5 ml

GAPDH (1.2.1.12)

NAD	0.025 g
Arseniato de sodio	0.09 g
Solución sustrato GAPDH	5.0 ml
MTT 1%	0.5 ml
PMS 0.1%	1.0 ml
Tris-HCL 0.5 M pH 7.1	10.0 ml
Agua destilada	32.5 ml
Solución sustrato GAPDH ^b	
Fructuosa 1,6 difosfato	0.273 g
Aldolasa	0.09 ml
Tris-HCL 0.5 M pH 7.1	2.0 ml
Agua destilada	3.0 ml

^bMezclar e incubar a 37° C por 30 minutos.

GDH (1.4.1.3)

NAD	0.025 g
Solución sustrato GDH	2.5 ml
MTT 1%	1.5 ml
PMS 0.1%	1.0 ml
Amortiguador de fosfatos 0.5 M pH 7.0	12.5
Agua destilada	32.5 ml
Solución sustrato GDH	
Glutamato de sodio	0.425 g
Amortiguador de fosfatos 0.5 M pH 7.0	10.0 ml

GPI (5.3.1.9)

D-fructosa 6 fosfato	0.08 g
NADP	0.005 g
Glucosa 6 fosfato deshidrogenasa (100u/ml)	0.8 ml
MTT 1%	0.75 ml
PMS 0.1%	0.75 ml
Tris-HCL 0.1 M pH 8.0	48.2 ml

IDH (1.1.1.42)

Isocitrato de sodio	0.07 g
NBT	0.01 g
NADP	0.015 g
MgCl ₂ 10%	0.2 ml
PMS 0.1%	1 ml
Tris-HCL 0.1 M pH 8.0	48.8 ml

LDH (1.1.1.27)

NAD	0.025 g
Solución sustrato LDH	5.0 ml
MTT 1%	1.5 ml
PMS 0.1%	1.0 ml
Tris-HCL 0.5 M pH 7.1	7.5 ml
Agua destilada	35.0 ml

Solución sustrato LDH

Ácido láctico 80%	1.125 g
Na ₂ CO ₃ 1M	4.9 ml
Agua destilada	3.975 ml

MEZ (1.1.1.40)

NADP	0.01 g
NBT	0.01 g
Solución sustrato MDH	2.5 ml
PMS 0.01%	10.0 ml
MgCl ₂ 10%	0.1 ml
Tris-HCL 0.1 M pH 8.4	10.0 ml
Agua destilada	27.5 ml

MDH (1.1.1.37)

NAD	0.025 g
Solución sustrato MDH	5.0 ml
MTT 1%	1.5 ml
PMS 0.01%	1.0 ml
Tris-HCL 0.1 M pH 7.0	5.0 ml
Agua destilada	37.5 ml

Solución sustrato MDH pH 7.0	
DL-Ácido málico	1.34 g
Na ₂ CO ₃	4.9 ml
Agua destilada	5.1 ml

ODH (1.1.1.73)	
NADP	0.0125 g
Solución sustrato ODH	0.5 ml
MTT 1%	1.0 ml
PMS 0.1%	2.5 ml
Tris-HCL 0.1 M pH 7.4	46.0 ml
Solución sustrato ODH	
1-Octanol	20.0 ml
Etanol	80.0 ml

PGM (5.4.2.2)	
α-D-Glucosa 1 fosfato,	0.25 g
EDTA-Na ₂	0.025 g
NBT	0.01 g
NADP	0.005 g
Glucosa 6 fosfato deshidrogenasa (100u/ml)	0.4 ml
MgCl ₂	0.1 ml
PMS 0.1%	1.0 ml
Tris-HCL 0.1 M pH 7.1	48.5 ml

Proteínas Generales	
Solución de Azul de Coomassie R250 (2.5%)	
Azul de Coomassie	1.25 g
Metanol	227.0 ml
Ácido acético	46.0 ml
Agua destilada	227.0 ml

Esta solución se puede almacenar a temperatura ambiente en un frasco protegido de la luz. Para la tinción se requiere:

1. Cubrir el gel con Azul de Coomassie R250 (2.5%) por una hora.
2. Enjuagar con solución fijadora y desteñidora y dejar 24 horas en esta solución.

SDH (1.1.1.14)	
Sorbitol	0.25 g
NAD	0.005 g
MTT 1%	0.7 ml
PMS 0.1%	1.0 ml
Tris-HCL 0.1 M pH 8.0	48.3 ml

SOD (1.15.1.1)	
Se utilizó la tinción de SDH	

XDH (1.1.1.204)	
Hipoxantina ^c	0.05 g
Tris-HCL 0.5 M pH 7.0	5.0 ml
^c Disolverse 15 minutos antes y mezclarse con:	
NAD	0.015 g
MTT 1%	1.0 ml
PMS 0.1%	1.0 ml
Agua destilada .	43.0 ml

Soluciones Stock Empleadas.

PMS 0.1%	
PMS	0.01 g
Agua destilada	20.0 ml

MTT 1%	
MTT	0.25 g
Agua destilada	25.0 ml

MgCl₂ 10%	
MgCl ₂	1.0 g
Agua destilada	10.0 ml

Na₂CO₃ 1 M	
Na ₂ CO ₃	10.6 g
Agua destilada	100.0 ml

Na₂CO₃ 2 M	
Na ₂ CO ₃	21.2 g
Agua destilada	100.0 ml

Tris 0.1 M	
Tris	1.211 g
Agua destilada	100.0 ml
Ajustar el pH con HCL	

Tris 0.5 M	
Tris	6.05 g
Agua destilada	100.0 ml
Ajustar el pH con HCL	

Amortiguador de Boratos pH 9.7	
Ácido bórico	0.935 g
NaOH 1M.	12.5 g
Agua destilada	250.0 ml

Amortiguador de fosfatos 0.5 M pH 7.0	
Solución A	
Na ₂ HPO ₄ (anhidro)	3.549 g
Agua destilada	50.0 ml
Solución B	
Na ₂ HPO ₄ (monohidrato)	3.45 g
Agua destilada	50.0 ml

Ajustar el pH a 7.0 titulando la solución B con la A.

Solución Fijadora y desteñidora	
Metanol	600.0 ml
Ácido acético	200.0 ml
Agua destilada	1200.0 ml

IX.4.- Apéndice 4.

Programa de Cultivo para la Repoblación de Juveniles del Chano *Micropogonias megalops* en el Alto Golfo de California.

Resumen Ejecutivo.

Introducción.

De acuerdo al estudio de la variabilidad alozímica del chano *M. megalops* en el Alto Golfo de California que aquí se presenta, se ha concluido que la variabilidad genética es baja y los niveles de endogamia son elevados debido a los altos niveles de impacto de la pesquería que se mantiene dentro de su distribución natural. El chano es un recurso pesquero de distribución restringida al Golfo de California y su pesquería mantiene un importante soporte económico y social para las comunidades que habitan la Reserva de la Biosfera Alto Golfo de California y Delta del Río Colorado (Cudney-Bueno y Turk-Boyer, 1998).

El programa de cultivo para la repoblación de juveniles del chano se propone como una de las dos estrategias requeridas para el mantenimiento de la actividad pesquera de esta especie en el Alto Golfo de California: 1) Regulación adecuada de su pesquería al interior y al exterior de la reserva y 2) desarrollo y operación del programa de cultivo para la repoblación de juveniles.

Este programa se sustenta en la práctica de actividades acuaculturales sobre una especie que hasta el momento no se ha cultivado, para lo que se requiere de la información biológica y ecológica básica disponible (Cudney-Bueno y Turk-Boyer, 1998; Yépiz-Velázquez, 1999). Para el diseño biotecnológico se emplean los elementos técnicos (Chamberlain, *et al.* 1987; Piper, *et al.* 1982; Aviles-Quevedo y Iizawa, 1994; Barrera-Guevara, *et al.* 1994) y de infraestructura disponibles en la Universidad de Sonora (Unidad Experimental Puerto Peñasco y Unidad Experimental Bahía Kino) y contempla las etapas de: 1) Conocimiento de la biología de la especie, 2) Captura y selección de organismos

reproductores, 3) Inducción a la madurez y el desove, 4) Desarrollo larval y 5) Cultivo de juveniles en estanquería rústica.

Como etapa inicial y primaria para este programa se contempla el cultivo y repoblación del chano, así como un esquema de sensibilización e importancia en la promoción del cultivo de especies de interés para la pesca a través de la repoblación de juveniles cultivados. Sin embargo existen otras especies de interés para la pesca en la región para ser consideradas dentro de este programa de cultivo y regulación pesquera, como son la totoaba y la curvina golfina. A pesar de que la totoaba tiene una veda permanente, se esta manejando ya la reproducción en cautiverio y posteriormente la repoblación como parte del programa de recuperación y cultivo. La curvina golfina, *Cynoscion othonopterus* y el cabaicucho, *Atractoscion nobilis*, son especies potenciales para incluirse en estos programas.

Esquema de Cultivo del chano *M. megalops*.

1. Conocimiento de la biología de la especie. Bajo este esquema se propone manejar la información relativa al conocimiento biológico y ecológico del chano, *M. megalops*, de relevancia para su cultivo.
2. Captura y selección de organismos reproductores. Como esquema general de cultivo se propone la captura de reproductores adultos maduros de *M. megalops* de la mayor cantidad de sitios de ocupación dentro de su distribución natural durante la época de reproducción de la especie en el Alto Golfo de California mediante líneas y anzuelo. Estos reproductores serán mantenidos por un período no mayor a cuatro años y serán regresados al medio natural.
3. Inducción a la madurez y el desove. Posteriormente se propone una fase de aclimatación a condiciones de cautiverio en estanquería rústica para proceder a la inducción a la maduración y el desove en condiciones controladas. Los huevos fértiles serán separados y mantenidos en acuarios para propiciar el desarrollo larval hasta el estadio juvenil.

4. Desarrollo larval. El desarrollo larval se propone llevar a cabo en condiciones controladas en instalaciones bajo techo para prevenir mortalidad por exceso de manipulación hasta una talla de 50 a 70 mm de longitud total.
5. Cultivo de juveniles en estanquería rústica. Se empleará estanquería rústica para el cultivo de los juveniles y se procederá de acuerdo a las prácticas de alimentación de otros peces marinos.

Antes de que el cultivo alcance la talla juvenil, se propone evaluar la talla de siembra y los sitios de repoblación al interior de la Reserva de la Biosfera Alto Golfo de California y Delta del Río Colorado. Para esta etapa se analizará la factibilidad de la implementación de las estrategias de cultivo de otros sciaenidos ya cultivados existentes en la literatura.

Esquema de Protección del Habitat de Desarrollo.

Dentro de la Reserva de la Biosfera se contempla desarrollar actividades de siembra de juveniles del chano, así como diseñar medidas de regulación tendientes a la promoción de la población de esta especie. Dentro de la Reserva se propone el monitoreo de su distribución y abundancia y una evaluación del uso del área de la Reserva como habitat de crianza y protección. Adicionalmente se requiere el monitoreo de la pesquería de chano en el área de pesca fuera de la Reserva. Para la evaluación del éxito de recuperación de la pesquería, se propone el establecimiento de un programa de marcado y recaptura, así como un seguimiento de los sitios de captura y arte de pesca utilizado.

Para este programa se utiliza la reserva como un instrumento de viabilidad para el manejo del esfuerzo de pesca, debido a que se ha reportado que el manejo del esfuerzo de pesca en las reservas marinas, acrecenta las capturas de cualquier población de pez sobrepescado, sobre todo aquellas poblaciones con bajo potencial de crecimiento (Sladek-Nowlis y Roberts, 1999). Este esquema ha resultado operativo bajo las premisas de exclusión de la pesca dentro de la reserva, permanencia de adultos dentro del área de la reserva, y que las larvas puedan migrar a través de los límites de la reserva. El programa de repoblación y pesca regulada propuesto al interior de la Reserva se esquematiza en la figura 4. Adicionalmente el

programa contempla la evaluación de la variabilidad genética de los reproductores y de los juveniles a repoblar, así como de la variabilidad genética de la población silvestre con el fin de reconocer los posibles cambios en la estructura genética de la especie y evaluar la efectividad del programa de repoblación (FAO/PNUMA, 1984).

Estrategias de Difusión del Programa de Pesca Regulada y Repoblación.

Dentro del programa se contempla la difusión de los propósitos de repoblación dentro y fuera de la Reserva, así como el involucramiento de los diferentes sectores que utilizan los recursos. Se contempla:

1. Sensibilización hacia los usuarios de la importancia de la recuperación de la pesquería a través del cultivo y la repoblación de los juveniles.
2. Involucramiento y capacitación de los diferentes sectores de usuarios de la Reserva en el cultivo del chano en estanquería rústica.
3. Sensibilización e involucramiento del sector pesquero en el diseño de las regulaciones pesqueras dentro y fuera de la Reserva.
4. Difusión de las actividades contempladas en el programa de repoblación hacia el interior y exterior de la Reserva.

Literatura de Referencia del Resumen Ejecutivo.

- Aviles-Quevedo, A. y M. Iizawa. 1994. Proyecto para el desarrollo de la biotecnología para el cultivo de Totoaba. Memorias del Comité Técnico para la Preservación de la Vaquita marina y la Totoaba. Secretaría de Pesca, Manuscrito inédito.
- Barrera-Guevara, J.C., M.J. Román-Rodríguez y H. A. Licón-González. 1994. Desarrollo de la biotecnología de la Totoaba. Secretaría de Pesca, Subsec. de Fomento y Desarrollo Pesquero. SEPESCA-CIDESON, 89 pp.
- Chamberlain, G.W., R.J. Miget y M.G. Haby. 1987. Manual on red drum aquaculture. Conference Draft, Second Printing. Texas Agricultural Extension Service, Sea Grant College Program, Texas A & M University.

- Cudney-Bueno, R. y P.J. Turk-Boyer. 1998. Pescando entre mareas del Alto Golfo de California. Una guía sobre la pesca artesanal, su gente y sus propuestas de manejo. CEDO Intercultural, Serie Técnica No. 1: 1-166 pp.
- FAO/PNUMA, 1984. Conservación de los recursos genéticos de los peces: problemas y recomendaciones. Informe de la consulta de expertos sobre los recursos genéticos de los peces. FAO Documento Técnico de Pesca, 217: 42 pp.
- Piper, R.G., I.B. McElwain, L.E. Orme, J.P. McCraren, L.G. Fowler y J.R. Leonarg. 1982. Fish hatchery management. US Departmento of the Interior. Fish and Wildlife Service. Washington D.C., 517 pp.
- Sladek-Nowlis, J. y C. M. Roberts. 1999. Fisheries benefits and optimal design of marine reserves. Fishery Bulletin, 97: 604-616.
- Yépiz-Velázquez, L.M. 1999. Pesquería del chano (*Micropogonias megalops*) como parte del programa de escama del CRIP Ensenada que realiza en el Alto Golfo de California. Informe Final de Año Sabático realizado en el CRIP. Universidad de Sonora. DICTUS. Manuscrito inédito, 23 pp.