

**APLICABILIDAD DE LAS MEDICIONES DE VARIABILIDAD  
GENETICA A LA PESQUERIA DEL OSTION AMERICANO  
*Crassostrea virginica* Gmelin DEL GOLFO DE MEXICO**

**APPLICABILITY OF GENETIC VARIABILITY MEASUREMENTS  
TO THE FISHERY OF THE AMERICAN OYSTER  
*Crassostrea virginica* Gmelin IN THE GULF OF MEXICO**

Jorge de la Rosa Velez 1  
Faustino Rodríguez Romero 2

1 Facultad de Ciencias Marinas  
Universidad Autónoma de Baja California  
Apartado Postal #453  
Ensenada, B.C. 22800, México

2 Instituto de Ciencias del Mar y Limnología  
Universidad Nacional Autónoma de México  
Apartado Postal # 70-305  
México, DF 04510, México  
Contribución No. 543 del Instituto de Ciencias  
del Mar y Limnología, UNAM

De la Rosa Velez, J. y Rodríguez Romero, F. Aplicabilidad de las mediciones de variabilidad genética a la pesquería del ostión americano *Crassostrea virginica* Gmelin del Golfo de México. Aplicability of Genetic Variability Measurements to the Fishery of the American Oyster *Crassostrea virginica* Gmelin in the Gulf of Mexico. Ciencias Marinas Vol. 14(4): 43-56, 1988.

**RESUMEN**

La medición de la variabilidad genética de las poblaciones de recursos marinos de importancia comercial es una herramienta con gran aplicabilidad en el seguimiento de pesquerías y el diseño de estrategias para la regeneración de los recursos genéticos.

El recurso ostrícola de las costas mexicanas del Golfo de México, se encontró depauperado al valorar los niveles de variación genética mediante la metodología de la genética bioquímica (De la Rosa, 1986). Con el fin de demostrar la aplicabilidad de las mediciones de variabilidad genética en el diseño de programas de hibridación interpoblacional, se aplicó un análisis de identidad genética a ocho poblaciones ostrícolas del Golfo de México, el cual permitió sugerir a la población de la Laguna Madre como la idónea para la regeneración del reservorio genético de las demás poblaciones estudiadas.

**ABSTRACT**

The measurement of the genetic variability of commercial populations of marine resources is a very valuable tool in the monitoring and designing of strategies in fisheries, in order to regenerate genetic resources.

Oyster populations from the Mexican coast of the Gulf of Mexico were found genetically impoverished when they were evaluated on their amount of genetic variability, by means of biochemical genetic methods (De la Rosa, 1986). In order to demonstrate the applicability of measurements of genetic variability in the design of hybridization programs between populations,

a genetic identity analysis was performed on eight populations from the Gulf of Mexico. It is suggested that the Laguna Madre population is the best option for the regeneration of the genetic pool of the other populations studied.

## INTRODUCCION

La confiabilidad y predictibilidad de las pesquerías de recursos de importancia económica sólo puede lograrse mediante el conocimiento integral de la biología de la especie. El desconocimiento parcial o total de los procesos biológicos fundamentales de las poblaciones que se explotan comercialmente a de propiciar, como patrón general, el uso y manejo inadecuados de los recursos pesqueros.

La carencia de bases sólidas para la proposición de estrategias de explotación adecuadas puede traducirse en problemas, que en sus extremos van desde la subutilización hasta la sobreexplotación y el peligro de la extinción del recurso.

El aspecto genético es frecuentemente ignorado; se sabe que en las poblaciones naturales, existe una tendencia al equilibrio con su ambiente, dependiendo del grado de adaptabilidad de la especie, el cual está determinado por el reservorio genético que posee (Dobzhansky *et al.*, 1977). En las poblaciones de organismos diploides, la combinación entre alelos que segregan en un locus dado dan lugar a la formación de los genotipos que representan el material hereditario del organismo. El genotipo determina, mediante interacciones génicas complejas, la extensión de fenotipos que se pueden desarrollar, según el ambiente experimentado.

Este binomio genotipo-ambiente debe ser cabalmente entendido con el fin de conocer con exactitud la capacidad de utilización de la que el recurso puede ser objeto, sin deteriorar el equilibrio alcanzado en el proceso evolutivo de la especie.

Del teorema fundamental de la selección natural (Fisher, 1930), se deduce que la cantidad de variación genética con respecto a la eficacia biológica se correlaciona directamente con la tasa evolutiva, determinada por la selección natural. Los cambios en frecuencias alélicas debidos a la selección natural

## INTRODUCTION

The reliability and predictability of the fisheries of important economic resources can only be achieved through the integral knowledge of the biology of the species. The partial or total ignorance of the fundamental biological processes of the populations which are commercially exploited will propitiate, in a general pattern, the improper use and handling of the fishing resources.

The lack of solid bases for the proposal of adequate exploitation strategies can result in difficulties, which in their extremes go from the subutilization to the overexploitation and danger of extinction of the resource.

The genetic aspect is frequently ignored. It is known that in natural populations, there is a tendency towards equilibrium with their environment, depending on the degree of adaptability of the species, which is determined by the genetic pool it possesses (Dobzhansky *et al.*, 1977). In the populations of diploid organisms, the combination among alleles that segregate in a given locus give place to the formation of genotypes that represent the hereditary material of the organism. Through complex genic interactions, the genotype determines the phenotype extensions that can be developed, depending on the environment.

This genotype-environment binomial should be entirely understood in order to know exactly the capacity of utilization of which the resource could be capable, without damaging the equilibrium reached in the evolutionary process of the species.

From the fundamental theorem of natural selection (Fisher, 1930), it is inferred that the quantity of genetic variation with regard to the biological efficiency is directly correlated with the evolutionary rate, determined by the natural selection. The changes in allelic frequencies due to natural selection continue as long as there are hereditary variations in a

continúan mientras haya variación hereditaria en una población y la tasa de cambio será directamente proporcional a la cantidad de variación.

Según lo expresado es factible suponer que mediante el conocimiento de la variabilidad genética de las poblaciones, se puede obtener información valiosa acerca de los procesos adaptativos que se suceden a nivel genético en las poblaciones de la especie con respecto a los ambientes que habitan, así como a la manipulación de que son objeto.

La evaluación de los recursos genéticos mediante estudios de la variabilidad genética ha demostrado su valía para la resolución de problemas de interés inmediato en el desarrollo de pesquerías y cultivos acuícolas en el ámbito internacional (Hedgecock *et al.*, 1976). Sin embargo, esta metodología no se ha utilizado sistemáticamente en el diseño de estrategias óptimas de utilización de recursos en países en vías de desarrollo.

Ortiz (1985), considera que son pocos los bancos ostrícolas que no están sobreexplotados y expone razones que involucran aspectos biológicos, sociales y políticos que no han permitido fructificar los programas oficiales de cultivo. La falta de conocimiento fundamental acerca de la estructura y dinámica poblacionales del recurso en las aguas nacionales del Golfo de México y de las relaciones y potencialidades genéticas intra e interpoblacionales han provocado la ausencia de alternativas viables y expeditas para la conservación del recurso.

La solución a los problemas de utilización óptima, mejoramiento del recurso y predictibilidad de la pesquería, se debe buscar en la implementación de programas de regeneración y cultivo basados en el conocimiento de la dinámica evolutiva del recurso, la cual está íntimamente ligada a la estrategia genética de la especie.

Debido a su importancia comercial, el ostión *Crassostrea virginica* Gmelin, 1791, ha sido objeto de estudios enfocados al esclarecimiento de aspectos genéticos que pueden ser

population and the rate of change will be directly proportional to the quantity of variation.

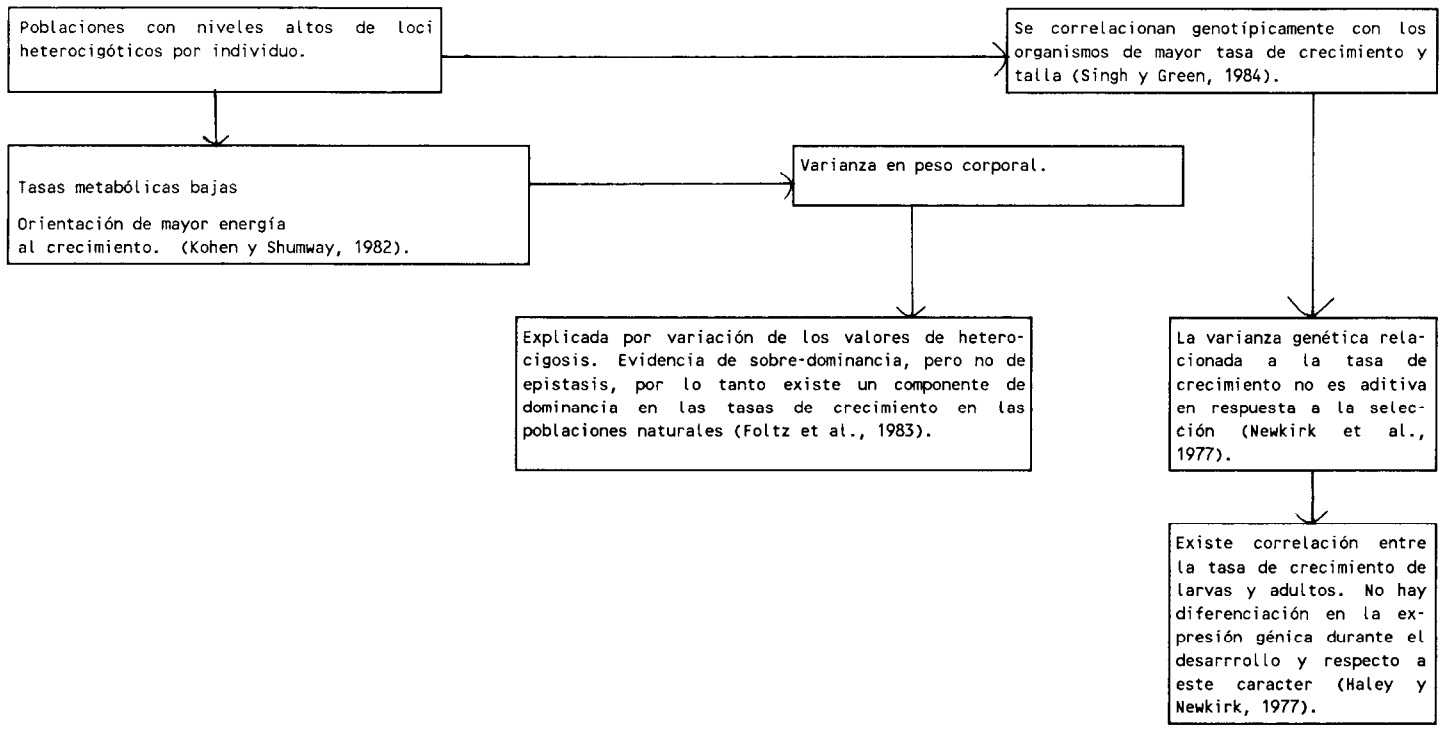
Therefore, it is feasible to suppose that through the knowledge of the genetic variability of the populations, valuable information can be obtained on the adaptive processes that occur on a genetic level in the populations of the species relative to the environments in which they live, as well as to the manipulation to which they are subject.

The evaluation of the genetic resources through studies of genetic variability has proved useful for the solution of problems of immediate interest in the development of fisheries and aquacultures throughout the world (Hedgecock *et al.*, 1976). However, this methodology has not been used systematically in the design of optimal strategies in the use of resources in underdeveloped countries.

Ortiz (1985) considers that there are only few oyster beds which are not overexploited and gives reasons which involve biological, social and political aspects that have prevented the success of official culture programs. The lack of fundamental knowledge on the structure and population dynamics of the resource in the national waters of the Gulf of Mexico and of the genetic relations and potentials within and between populations have resulted in the absence of viable and clear alternatives for the conservation of the resource.

The solution to the problems of optimal use, improvement of the resource and predictability of the fishery, should be looked for in the implementation of regeneration and culture programs based on the knowledge of the evolutionary dynamics of the resource, which is intimately related to the genetic strategy of the species.

Due to its commercial importance, the oyster *Crassostrea virginica* Gmelin, 1791, has been the object of studies focused on the clarification of genetic aspects that can be of great importance in fishery control (Fig. 1).



De la Rosa Vélez, J. y Rodríguez Romero, F. - Aplicabilidad

Figura 1. Principales hallazgos sobre la base genética de algunos caracteres de importancia comercial del recurso Crassostrea virginica.  
 Figure 1. Principal findings on the genetic base of some characters of commercial importance of the Crassostrea virginica resource.

de gran trascendencia en la regulación de la pesquería (Fig. 1). En la actualidad, se sabe de la importancia del mantenimiento de niveles altos de variabilidad genética en los stocks destinados a la captura, en virtud del hallazgo de que los organismos heterocigotos en una gran proporción de sus loci, presentan tasas metabólicas reducidas, lo que sugiere que pueden orientar mayor energía al crecimiento (Kohen and Shumway, 1982).

Según Foltz *et al.* (1983), la varianza en peso corporal de la especie se rige mediante un componente de dominancia sin que exista evidencia de epistasis en relación a este carácter.

Haley y Newkirk (1977), encontraron que existe correlación entre la tasa de crecimiento de larvas y adultos. La selección de larvas con tasa de crecimiento elevadas dará lugar a ostiones de crecimiento rápido, aunque según Foltz *et al.* (1983), esta característica puede variar entre stocks.

Los estudios sobre heredabilidad de la tasa de crecimiento larval demostraron que la varianza genética no es aditiva en respuesta a la selección, lo que es de particular importancia para el desarrollo de líneas endogámicas en la producción de híbridos (Newkirk *et al.*, 1977a).

Burocker (1983) y De la Rosa (1986) detectaron diferencias genéticas interpoblacionales a lo largo de la distribución de la especie. Este hecho es estimulante para el establecimiento de programas de hibridación.

Los estudios antecedentes que involucran las particularidades de la genética de *Crassostrea virginica* en relación a los caracteres fenotípicos de importancia para el valor comercial de la especie, apoyan rotundamente la importancia del mantenimiento de la variabilidad genética, en términos de genotipos heterocigóticos en un número considerable de locigénicos.

## MATERIAL Y METODOS

Los métodos de la genética bioquímica, en particular la obtención de zimogramas a

At present, the importance of maintaining high levels of genetic variability in the stocks destined for capture is known, since the discovery that heterozygote organisms present reduced metabolic rates in a large proportion of their loci, which suggests that they can direct more energy to growth (Kohen and Shumway, 1982).

According to Foltz *et al.* (1983), the variance in corporal weight of the species is governed through a dominant component without there existing evidence of epistasis in relation to this character.

Haley and Newkirk (1977) found that a correlation exists between the growth rate of larvae and adults. The selection of larvae with high growth rates will give rise to oysters of rapid growth, though, according to Foltz *et al.* (1983), this characteristic could vary between stocks.

The studies on inheritability of the larval growth rate have shown that the genetic variance is not additive in response to selection, which is of particular importance for the development of endogamic lines in the production of hybrids (Newkirk *et al.*, 1977a).

Burocker (1983) and De la Rosa (1986) detected interpopulational genetic differences along the length of the distribution of the species. This is encouraging for the setting up of hybridization programs.

Previous studies on the genetic particularities of *Crassostrea virginica* in relation to the phenotypic characters important for the commercial value of the species, categorically support the importance of maintaining the genetic variability, in terms of heterozygotic genotypes in a considerable number of genic loci.

## MATERIALS AND METHODS

Biochemical genetic methods, in particular the obtaining of zymograms starting from the application of gel electrophoresis to crude extracts of selected tissues and the developing of allelozymes using histochemical techniques, have proved to be adequate for the measure-

partir de la aplicación de electroforesis en gel a extractos crudos de tejidos selectos y el revelado de alelozimas mediante técnicas histoquímicas, han probado ser adecuados para la medición de la variabilidad genética en poblaciones naturales (Lewontin y Hubby, 1966), ya que los fenotipos obtenidos se pueden igualar con los genotipos, permitiendo enumerar las frecuencias genéticas y detectar proteínas variables y no variables. De esta manera, se posibilita la cuantificación de la variación promedio en una muestra de loci seleccionados sin un conocimiento previo de su variabilidad (Lewontin, 1974).

A partir de la información obtenida mediante el estudio electroforético de 20 loci génicos en muestras representativas de ocho poblaciones ostrícolas del Golfo de México (De la Rosa, 1986), se procedió a aplicar un análisis de identidad genética de Nei (1972).

La similitud genética (I) y la distancia genética (D) entre poblaciones (A y B) está dada por:

$$D = -\log_0 I; I = J_{AB} / J_A \cdot J_B$$

$J_A$ ,  $J_B$  y  $J_{AB}$  se definen como/are defined as:

$$J_A = \sum_i \sum_j (x_{ij})^2 / n$$

$$J_B = \sum_i \sum_j (y_{ij})^2 / n$$

$$J_{AB} = \sum_i \sum_j x_{ij} \cdot y_{ij} / n$$

donde  $x_{ij}$  y  $y_{ij}$  son las frecuencias del alelo  $i$ -ésimo en el locus  $j$ -ésimo en las poblaciones A y B. Cuando las poblaciones A y B comparten las mismas frecuencias alélicas en todos los loci, la distancia y similitud genética serán  $D=0$   $I=1$ . En el caso contrario, cuando no comparten el mismo alelo común en todos los loci, los valores serán  $D=\infty$   $I=0$ .

ment of genetic variability in natural populations (Lewontin and Hubby, 1966), since the phenotypes obtained can equal the genotypes, permitting the enumeration of genic frequencies and detection of variable and non-variable proteins. In this manner, the quantification of the average variation in one sample of selected loci is possible without a previous knowledge of its variability (Lewontin, 1974).

From the information obtained through the electrophoretic study of 20 genic loci in representative samples of eight oyster populations in the Gulf of Mexico (De la Rosa, 1986), Nei's (1972) genetic identity analysis was applied.

The genetic similarity (I) and the genetic distance (D) between populations (A and B) is given by:

where  $x_{ij}$  and  $y_{ij}$  are the frequencies of the  $i$ -th allele in the  $j$ -th locus in the A and B populations. When the A and B populations share the same allelic frequencies in all the loci, the distance and genetic similarity will be  $D=0$   $I=1$ . On the contrary, when they do not share the same common allele in all the loci, the values will be  $D=\infty$   $I=0$ .

## RESULTADOS Y DISCUSION

La adaptación ecológica es un hecho común a las poblaciones geográficas silvestres en todas las especies; la hibridación entre poblaciones de la misma especie puede interferir con esas adaptaciones, pero si la hibridación se lleva a cabo entre poblaciones depauperadas genéticamente (como es el caso de las poblaciones ostrícolas en las aguas mexicanas del Golfo de México), existe al menos la probabilidad de obtener una composición genética más apta, en función del aumento de la variabilidad.

La Tabla I presenta un resumen de la variabilidad genética en ocho poblaciones del Golfo de México. Al comparar estos resultados con los encontrados en latitudes superiores de la distribución geográfica de la especie (Buroker *et al.*, 1979; Buroker 1983; Hedgecock y Okasaki, 1984) (Tabla II), se aprecia una disminución significativa de los niveles de variación. Además es evidente el exceso de homocigosis en varias de las poblaciones analizadas.

La pérdida de variabilidad genética representa una desventaja en la eficacia de las poblaciones para la adaptación a las condiciones cambiantes del medio. El tratamiento genético y la aplicación de los principios de conservación tradicionales, pueden contrarrestar las alteraciones sufridas en ese sentido (Longwell y Stiles, 1970). Por otro lado el exceso de homocigosis, aunado a la reducción de talla del recurso en las poblaciones ostrícolas del Golfo de México, (cf. De la Rosa, 1986), es una evidencia tangible de sobreexplotación, ya que como lo demostraron Singh y Green (1984), estos factores se correlacionan genotípicamente.

La mejora genética implica el aumento en frecuencia de algún carácter particular existente en la población, de interés para el valor comercial del producto, o en ocasiones, la inducción de variantes específicas no presentes en la población natural, por medio de hibridación.

No hay posibilidad de predicción teórica de la composición de híbridos; la hibridación puede transmitir tanto los caracteres genéticos

## RESULTS AND DISCUSSION

Ecological adaptation is a common fact in wild geographical populations of all the species. The hybridization among populations of the same species can interfere with these adaptations, but if the hybridization is carried out among genetically impoverished populations (as is the case of the oyster populations in the Mexican waters of the Gulf of Mexico), there is at least the probability of obtaining a more capable genetic composition, in terms of the increase of variability.

Table I presents a summary of the genetic variability in eight populations of the Gulf of Mexico. On comparing these results with those found in higher latitudes of the geographical distribution of the species (Buroker *et al.*, 1979; Buroker, 1983; Hedgecock and Okasaki, 1984) (Table II), a significant decrease is seen in the variation levels. The excess of homozygosis in several of the analysed populations is also evident.

The loss of genetic variability represents a disadvantage in the efficiency of the populations to adapt to changing conditions of the environment. The genetic treatment and the application of the principles of traditional conservation, can counteract the alterations suffered in this respect (Longwell and Stiles, 1970). On the other hand, the excess of homozygosis, combined with the reduction in size of the resource in the oyster populations of the Gulf of Mexico (cf. De la Rosa, 1986), is tangible evidence of overexploitation, since these factors correlate genotypically, as demonstrated by Singh and Green (1984).

Genetic improvement implies an increase in frequency of one existing particular character in the population, of interest to the commercial value of the product, or occasionally, the induction, by means of hybridization, of specific differences not present in the natural population.

There is no possibility of a theoretical prediction on the composition of hybrids; hybridization can transmit both the desired genetic characters as well as the undesirable, but these can be eliminated through artificial selection (Longwell, 1976).

Tabla I. Variación genética de ocho poblaciones locales del ostión americano *Crassostrea virginica*, de las costas mexicanas del Golfo de México. TER: Términos; MEC: Mecoacán; CMP: Pajonal; SON: Sontecomapan; LMA: La Mancha; TAM: Tamiahua; PVI: Pueblo Viejo; LAM: Madre. (Tomada de De la Rosa, 1986).

Table I. Genetic variation of eight local populations of the American oyster *Crassostrea virginica*, from the Mexican coasts of the Gulf of Mexico. TER: Términos; MEC: Mecoacán; CMP: Pajonal; SON: Sontecomapan; LMA: La Mancha; TAM: Tamiahua; PVI: Pueblo Viejo; LAM: Madre. (From De la Rosa, 1986.)

		TER	MEC	CMP	SON	LMA	TAM	PVI	LAM
Número de loci estudiados		19	20	19	15	19	20	20	20
Número promedio de genes		168	89	113	49	93	99	93	97
Muestreados por locus	± D.S.	± 53	± 21	± 30	± 3	± 13	± 7	± 24	± 11
Loci polimórficos	P99	0.526	0.550	0.579	0.533	0.632	0.400	0.400	0.500
por población	P95	0.373	0.400	0.373	0.533	0.526	0.350	0.400	0.500
Heterocigosis media (H)	Observados	0.075	0.109	0.104	0.135	0.114	0.125	0.170	0.224
	± E.S.	±0.033	±0.043	±0.042	±0.051	±0.033	±0.049	±0.068	±0.064
	Esperados	0.128	0.143	0.133	0.187	0.216	0.166	0.184	0.220
	± E.S.	±0.042	±0.041	±0.043	±0.058	±0.054	±0.052	±0.056	±0.057
		***	*			***	***	**	*

\*:  $p \leq 0.05$   
 \*\*:  $p \leq 0.01$   
 \*\*\*:  $p \leq 0.001$



Tabla II. Valores de variabilidad genética en varias poblaciones locales de *Crassostrea virginica* de la costa Atlántica y el Golfo de México. K = número de loci analizados; P<sub>99</sub> y P<sub>95</sub>, polimorfismo según los criterios p<sub>≤</sub>0.99 y p<sub>≤</sub>0.95, respectivamente. H<sub>o</sub>, heterocigosis observada y H<sub>e</sub>, heterocigosis esperada, según el equilibrio de Hardy-Weinberg.

Table II. Values of genetic variability in several local populations of *Crassostrea virginica* in the Atlantic coast and Gulf of Mexico. K = number of loci analysed; P<sub>99</sub> and P<sub>95</sub>, polymorphism according to the p<sub>≤</sub>0.99 and p<sub>≤</sub>0.95 criteria, respectively. H<sub>o</sub>, heterozygosis observed and H<sub>e</sub>, heterozygosis expected, according to the Hardy-Weinberg equilibrium.

ESPECIE	K	P <sub>99</sub>	P <sub>95</sub>	H <sub>o</sub>	H <sub>e</sub>	LOCALIDAD	REFERENCIA
<i>C. virginica</i>	32	46.9	-	19.1	19.5	Nueva Escocia	Buroker et al., 1979b
"	30	53.3	-	20.7	20.3	Cape Code, Mass.	Buroker, 1983
"	32	50.0	-	21.2	20.6	Long Island, Conn	"
"	31	51.6	-	23.6	21.9	Delaware Bay Sup.	"
"	32	53.1	-	18.6	18.3	Delaware Bay Inf.	"
"	32	46.9	-	22.3	21.4	James River, Va.	"
"	32	53.1	-	22.5	22.2	Nag'shead, N.C.	"
"	32	65.6	-	20.8	20.6	Charleston, S.C.	"
"	32	53.1	-	20.9	20.6	Jacksonville, Fla.	"
"	32	59.4	-	19.9	20.0	Fort Pierce, Fla.	"
"	31	51.6	-	20.6	19.8	Miami, Fla.	"
"	31	54.8	-	20.0	19.2	Tampa Bay, Fla.	"
"	32	65.6	-	20.9	19.8	Cedar Key, Fla.	"
"	32	59.4	-	21.7	21.2	Apalachicola Bay, Fla.	"
"	31	58.1	-	22.7	22.5	Horn Island, Miss.	"
"	32	68.8	-	25.4	25.3	Bay Grable, La.	"
"	32	62.5	-	23.6	24.1	Galveston, Tex.	"
"	32	59.4	-	24.7	25.4	Port Lavaca, Tex.	"
"	32	59.4	-	24.7	25.4	Corpus Christi, Tex.	"
"	32	59.4	-	21.3	21.2	Brownsville, Tex.	"
"	19	57.9	47.4	17.6	20.6	Franklin, Fla.	Hedgecock y Okasaki, 1984
"	16	62.5	56.3	26.3	26.5	El Zacatal, Camp.	"

deseables como los indeseables, pero éstos podrán ser eliminados por selección artificial (Longwell, 1976).

Con base en los datos de similitud y distancia genética (Tabla III) es factible la planeación de hibridaciones interzonales, según las transiciones encontradas.

La primera zona comprende las poblaciones ubicadas más al sur de la distribución (TER, MEC, CMP). Los valores de similitud genética entre ellos fluctúan entre 0.983 y 0.991. La contracorriente en dirección sur formada estacionalmente en el Golfo de México al sur de los 20° N (Dir. Gral. Ocean. y Señal. Mar., 1974), puede establecer el flujo génico entre las poblaciones de estas lagunas.

La segunda zona propuesta se compone de las poblaciones de SON y LMA. La similitud genética entre ellas es la más alta obtenida (0.994). El flujo génico entre estas poblaciones se establece por la coincidencia de dos sucesos: la comunicación con el mar en la laguna de la Mancha se presenta exclusivamente en el verano, durante la temporada de lluvias, debido a la apertura de la boca a causa del aumento de volumen de agua en la laguna. El desove primaveral (marzo-mayo) se traslapa con el inicio de la temporada de lluvias (Rogers y García-Cubas, 1981), permitiendo la migración de larvas y el flujo génico interpoblacional.

La similitud genética entre las dos primeras zonas propuestas son relativamente altos (0.969-0.978), lo que indica que existe un nivel mediano de flujo génico, que, sin embargo, se ve restringido probablemente por la selección diferencial de los ambientes en las lagunas que las forman (la laguna de Santecomapan, por ejemplo, puede considerarse oligohalina durante un ciclo anual).

La tercera zona está constituida por TAM y PVI, con un valor de similitud genética de 0.984, entre ellas. Estas poblaciones presentan flujo génico en función de la corriente predominante del Golfo de México, en dirección Norte (Dir. Gral. Ocean. y Señal. Marit., 1974).

Based on the data of genetic similarity and distance (Table III), it is possible to plan interzonal hybridizations, depending on the transitions found.

The first zone includes the populations found furthest to the south of the distribution (TER, MEC, CMP). The values of genetic similarity among them fluctuate between 0.983 and 0.991. The countercurrent in a southern direction formed seasonally in the Gulf of Mexico to the south of 20°N (Dir. Gral. Ocean. y Señal. Mar., 1974), can establish the genic flux between the populations of these lagoons.

The second proposed zone consists of the populations of SON and LMA. The genetic similarity between them is the highest obtained (0.994). The genic flux between these populations is established by the coincidence of two events: the communication to the sea in the Laguna de la Mancha is only present in the summer, during the rainy season, due to the opening of the mouth because of the increase in the volume of water in the lagoon. The spring spawning (March to May) overlaps with the start of the rainy season (Rogers and García-Cubas, 1981), allowing the migration of larvae and the interpopulational genic flux.

The genetic similarity between the first two proposed zones is relatively high (0.969-0.978), indicating that there is a mean level of genic flux which, however, is restricted, probably by the differential selection of the environments in the lagoons which form them (for example, the Laguna de Santecomapan can be considered low in salinity during one annual cycle).

The third zone is formed by TAM and PVI, with a genetic similarity value of 0.984 between them. These populations present genic flux in terms of the predominant current in the Gulf of Mexico, in a northern direction (Dir. Gral. Ocean. y Señal. Marit., 1974).

The fourth zone corresponds to the population of the Laguna Madre. The lowest genetic similarity values relative to the other

Tabla III. Similitud genética (sobre la diagonal) y distancia genética (bajo la diagonal) de ocho poblaciones de *Crassostrea virginica* del Golfo de México.Table III. Genetic similarity (above the diagonal) and genetic distance (below the diagonal) of eight populations of *Crassostrea virginica* in the Gulf of Mexico.

	TER	MEC	CMP	SON	LMA	TAM	PVI	LAM
TER	-	0.989	0.991	0.957	0.966	0.959	0.941	0.908
MEC	0.011	-	0.983	0.978	0.970	0.969	0.957	0.925
CMP	0.009	0.017	-	0.971	0.969	0.960	0.949	0.918
SON	0.044	0.022	0.029	-	0.994	0.934	0.940	0.935
LAM	0.035	0.030	0.031	0.006	-	0.954	0.946	0.952
TAM	0.042	0.031	0.041	0.068	0.047	-	0.984	0.942
PVI	0.061	0.044	0.052	0.062	0.056	0.016	-	0.927
LAM	0.097	0.078	0.086	0.067	0.049	0.060	0.076	-

La cuarta zona corresponde a la población de la laguna Madre. Los valores más bajos de similitud genética con respecto a las demás poblaciones del Golfo de México (0.908-0.952) son dados por esta población. Debido a las características muy particulares del ambiente que habita, varios autores (Groue y Lester, 1982; Buroker, 1983; De la Rosa, 1986), han sugerido que pudiera estar sufriendo evolución independiente. Además, esta población es, dentro de las presentadas en la Tabla I, la que presenta los niveles más altos de variación genética y se encuentra en equilibrio de Hardy-Weinberg. Por estas razones, se le considera como idónea para ser utilizada en un programa de regeneración de la variabilidad de las poblaciones ostrícolas del Golfo de México.

Además se deben tomar en cuenta algunos aspectos importantes del desarrollo larvario reportados por Newkirk *et al.* (1977b). Estos autores proponen que puede existir un factor citoplasmático, además del genético, que afecta la tolerancia de las larvas de ostión a las variaciones de salinidad. Este factor obedece a las condiciones bajo las cuales se forman los cigotos. La composición del cigoto será afectada por los factores ambientales, como la salinidad, conforme se desarrolla. Los huevos procedentes de madres adaptadas a altas salinidades permiten un mejor desarrollo

populations in the Gulf of Mexico (0.908-0.952) are given by this population. Due to the very particular characteristics of the environment in which they live, several authors (Groue and Lester, 1982; Buroker, 1983; De la Rosa, 1986) have suggested that it could be suffering independent evolution. Furthermore, from among those presented in Table I, this population is the one that presents the highest levels of genetic variation and is found in Hardy-Weinberg equilibrium. For these reasons, its use is considered ideal in a program of regeneration of the variability of the oyster populations in the Gulf of Mexico.

Some important aspects of the larval development reported by Newkirk *et al.* (1977b) should also be considered. These authors propose that a cytoplasmic factor could also exist, apart from the genetic, which affects the tolerance of the oyster larvae to the salinity variations. This factor obeys the conditions under which the zygotes are formed. The zygote composition will be affected by environmental factors, such as salinity, as it develops. The eggs coming from females adapted to high salinities allow a better development of the first larval phases under those conditions. Therefore, for the regeneration of the populations in the Gulf of Mexico, where the salinities are lower than the average for the Laguna Madre, the fertiliza-

de los primeros estadios larvales en esas condiciones. Por lo tanto, para la regeneración de las poblaciones del Golfo de México, donde las salinidades son inferiores que el promedio para la laguna Madre deberá intentarse la fecundación de huevos nativos con espermatozoides de organismos machos procedentes de la laguna Madre.

La metodología de la genética bioquímica tiene un último uso potencial que puede ser aprovechado en los programas de regeneración y cultivo de los bancos ostrícolas. Es de esperarse la reducción de la variabilidad genética cuando una pequeña muestra de una población natural se lleva a cultivo, en virtud de un efecto del fundador artificial. La tasa de disminución depende exclusivamente del tamaño de la población de crianza cuando los factores ambientales están controlados. La verificación de la cantidad de endogamia se puede efectuar por medio de estudios electroforéticos de la heterocigosis promedio (Utter *et al.*, 1974; Hedgecock *et al.*, 1976; Nelson, 1977). Los efectos deletéreos de la endogamia se pueden eliminar por medio de la introducción de alelos nuevos efectuando cruza con organismos selectos de otras poblaciones en donde se han detectado diferencias genéticas.

## CONCLUSION

La metodología de la genética bioquímica, adaptada para la medición de la variabilidad genética en poblaciones sometidas a la explotación, tiene gran potencial de aplicación para la evaluación previa del recurso genético, el desarrollo de programas de regeneración y mejoramiento de especies y el seguimiento de poblaciones de importancia económica bajo explotación. Por lo tanto, es necesario establecer de manera sistemática esta práctica, así como fortalecer las líneas de investigación genética básicas con el fin de ampliar el conocimiento de la base genética de las estrategias adaptativas de los recursos pesqueros, y así lograr la optimización de su uso y manejo.

En particular, la pesquería de *C. virginica* se verá beneficiada gracias a la detección oportuna de su empobrecimiento genético como un indicativo de mal manejo y posible sobreexplotación. El conocimiento de las ca-

tion of native eggs with spermatozoids of male organisms from the Laguna Madre should be attempted.

The biochemical genetic methodology has one last potential use that can be taken advantage of in the regeneration programs and cultivation of oyster beds. The reduction of the genetic variability is expected when a small sample of one natural population is cultivated, because of an artificial founder effect. The reduction rate depends entirely on the size of the breeding population when the environmental factors are controlled. The verification of the amount of endogamy can be done by means of electrophoretic studies of the average heterozygosis (Utter *et al.*, 1974; Hedgecock *et al.*, 1976; Nelson, 1977). The deleterious effects of the endogamy can be eliminated by means of the introduction of new alleles crossbreeding with selected organisms of other populations in which genetic differences have been detected.

## CONCLUSION

The biochemical genetic methodology, adapted for the measurement of genetic variability in populations subjected to exploitation, has a large application potential for the previous evaluation of the genetic resource, the development of regeneration and improvement of species programs and the continuation of economically important populations under exploitation. Therefore, it is necessary to establish this practice in a systematic way, as well as to strengthen the lines of basic genetic investigations in order to extend the knowledge of the genetic base of the adaptive strategies of the fishery resources, and thus achieve the optimization of its use and handling.

In particular, the fishery of *C. virginica* will benefit thanks to the opportune detection of its genetic impoverishment as an indication of bad handling and possible overexploitation. The knowledge of the genetic characteristics of the local populations of the mollusc in Mexican waters of the Gulf of Mexico, allows strategies on the regeneration of the resource to be elaborated in terms of increase in the genetic variability of its populations by means of hybridizations between populations.

racterísticas genéticas de las poblaciones locales del molusco en aguas mexicanas del Golfo de México permite elaborar estrategias de regeneración del recurso en términos del aumento de la variabilidad genética en sus poblaciones por medio de hibridaciones inter-poblacionales.

La población ostrícola de la laguna Madre ofrece las características genéticas adecuadas para utilizar gametos masculinos procedentes de ella, en la regeneración del recurso genético de las demás poblaciones de *Crassostrea virginica* de las costas mexicanas del Golfo de México.

#### AGRADECIMIENTOS

Este estudio se presenta como consecuencia de un proyecto financiado en parte por el Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (PCCBBNA 021432).

Uno de los autores (J.R.V.) contó con una beca otorgada por CONACyT, durante el desarrollo de este estudio (Reg. No. 19632).

#### LITERATURA CITADA

Burocker, N.E. (1983) Population Genetics of the American Oyster *Crassostrea virginica* Along the Atlantic Coast and the Gulf of Mexico. *Mar. Biol.* 75:99-112.

Burocker, N.E., Hershberg, W.K. and Chew, K.K. (1979) Population Genetics of the Family Ostreidae. II. Interspecific Studies of the Genera *Crassostrea* and *Saccostrea*. *Mar. Biol.* 54:171-184.

De la Rosa, J. (1986) Variabilidad genética poblacional en ostiones de la especie *Crassostrea virginica* del Golfo de México. Tesis Doctoral. UACPanP-ICML/UNAM. 124 pp.

Dirección General de Oceanografía y Señalamiento Marítimo. (1974) Atlas Oceanográfico del Golfo de México y Mar Caribe. Sección I. Mareas y corrientes. Secretaría de Marinas. México. 39 pp.

The Laguna Madre oyster population offers the appropriate genetic characteristics for the use of its male gametes in the regeneration of the genetic resource in the other populations of *Crassostrea virginica* in the Mexican coasts of the Gulf of Mexico.

#### ACKNOWLEDGEMENTS

This study was partly financed by the Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (PCCBBNA 021432). One of the authors (J. R. V.) had a grant from CONACYT (Reg. No. 19632) during this study.

English translation by Christine Harris.

---

Dobshansky, T.F., Ayala, J., Stebbins, A.L. and Valentine, S.W. (1977) *Evolution*. W.H. Freeman and Co. San Francisco 572 pp.

Fisher, R.A. (1930). *The Genetical Theory of Natural Selection*. Cla. Press, Oxford.

Foltz, D.W., Newkirk, G.F. and Zorous, E. (1983) Genetics of Growth Rate in the American Oyster: Absence of Interactions Among Enzyme loci. *Aquaculture*. 33:157-165.

Groue, K.J. and Lester, L.J. (1982) A Morphological and Genetic Analysis of Geographic Variation Among Oysters in the Gulf of Mexico. *Veliger*. 24(4):331-335.

Haley, L.E. and Newkirk, G.F. (1977) Selecting Oysters for Faster Growth. En: J.W. Avault (ed). *Proceeding of the Eighth Annual Meeting*, World Mariculture Society. p. 557-565.

Hedgecock, D. and Okasaki, N.B. (1984) Genetic Diversity Within and Between Populations of American Oysters (*Crassostrea*). *Malacologia*. 25:539-549.

Hedgecock, D., Shleser, R.A. and Nelson, K. (1976) Applications of Biochemical Genetics to Aquaculture. *J. Fish. Res. Board Can.* 33:1108-1119.

- Kohen, R.K. and Shumway, S.E. (1982) A Genetic/Physiological Explanation for Differential Growth Rate Among Individual of the American Oyster *Crassostrea virginica* (Gmelin). Mar. Biol. Lett. 3: 35-42.
- Lewontin, R.C. (1974) The Genetic Basis of Evolutionary Change. Columbia University Press. New York. 346 pp.
- Lewontin, R.C. and Hubby, J.L. (1966) A Molecular Approach of the Study of Genetic Heterozygosity in Natural Populations. II. Amount of Variation Degree of Heterozygosity in Natural Population of *Drosophila pseudoobscura*, Genetics 54:577-594.
- Longwell, A.C. (1976) Review of Genetics and Related Studies on Commercial Oysters and other Related Pelecypod Molluscs. J. Fish. Res. Board Can. 33:1100-1107.
- Longwell, A.C. and Stiles, S.S. (1970) El sistema genético and el potencial reproductor de la ostra americana. Endeavour 29: 94-99.
- Nei, M. (1972) Genetic Distance Between Population. Am. Natur. 106:283-292.
- Nelson, K. (1977) Genetic Considerations in Selecting Crustacean Species for Aquaculture. En: J.W. Avault (ed.), Proceedings of the Eighth Annual Meeting, World Mariculture Society. pp. A-27. 1-19.
- Newkirk, G.F., Haley, L.E., Wangh, D.L. and Doyle, R. (1977a) Genetics of Larvae and Spat Growth Rate in the Oyster *Crassostrea virginica*. Mar. Biol. 41: 49-52.
- Newkirk, G.F., Wangh, D.L. and Haley, L.E. (1977b) Genetics of Larval Tolerance to Reduced Salinities in Two Populations of Oysters, *Crassostrea virginica* J. Fish. Res. Board Can. 34: 384-387.
- Ortiz de Montellano, A. (1985) Tecnologías pesqueras en el trópico húmedo. Centro de Ecodesarrollo. México. 146 pp.
- Rogers, P. y García-Cubas A. (1981) Evolución gonádica a nivel histológico de *Crassostrea virginica*. (Gmelin, 1791). Del sistema fluvio lagunar Pom-Atasta, Laguna de Términos, Cam., México. (Mollusca-Bivalvia). An. Inst. Cienc. del Mar y Limnol. UNAM 8:21-42.
- Singh, S.M. and Green, R.H. (1984) Excess of Allozyme Homozygosity in Marine Molluscs and its Possible Biological Significance. Malacologia. 25:569-581.
- Utter, F.M., Hodgins, H.O. and Allendorf, F.W. (1974) Biochemical Genetics Studies of Fishes: Potentialities and Limitations. En: D.C. Malins and J.R. Sargent, (eds.) Biochemical and Biophysical Perspectives in Marine Biology. Vol. 1. Academic Press. New York. p. 213-238.