

Hábitat, patógenos, y genética: consideraciones para el manejo y conservación del huemul (Corti, P).

Paulo Corti¹

¹Instituto de Ciencia Animal y Programa de Investigación Aplicada en Fauna Silvestre, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.

pcorti@uach.cl

El huemul (*Hippocamelus bisulcus*), endémico del sur de Chile y Argentina, es el ciervo más amenazado del Neotrópico. Su población <2.000 individuos y su rango de distribución <50% original, quedando solo remanentes poblaciones muy fragmentados. Las causas de declinación parecen múltiples: depredación natural y por perros, caza ilegal, pérdida de hábitat, competencia y enfermedades del ganado. Causas comunes para especies en riesgo de extinción, no han sido profundizadas en huemul. Este trabajo resume 10 años de investigación, resaltando uso de hábitat, presencia de patógenos, y avances sobre genética.

En la Reserva Nacional Lago Cochrane (RNLC), se monitorearon huemules desde 2005 a 2007 vía telemetría y observación directa. La disponibilidad y uso de hábitat se determinó a través de ámbitos de hogar y preferencias individuales en cada hábitat identificado. Prefirieron hábitats con cubierta arbórea y amplias áreas de matorral. La concentración de minerales en plasma, a excepción de zinc y cobre, fue similar a la de otras especies de ciervos. En áreas de uso forestal en la Región de Aysén, modelos de ocupación indicaron que la principal variable que explicaría su presencia es la cobertura del sotobosque con especies que formen parte de su dieta. También evidenciamos el impacto negativo del ganado sobre la probabilidad de encontrar huemules en un área intervenida.

Evidenciamos la presencia del virus de diarrea viral bovina (VDVB) en la población de huemul de RNLC, en áreas donde el ganado bovino también resultó positivo al mismo patógeno. Se desconocen las consecuencias de esta infección, pero la sobrevivencia de cervatillos en RNLC ha sido <35%, con una gran proporción de la mortalidad indeterminada. Infecciones con VDVB pueden causar abortos o mortalidad juvenil en rumiantes, las que son difíciles de detectar en animales silvestres.

La fragmentación poblacional y Último Máximo Glaciar han marcado la condición genética del huemul. Una primera aproximación en una población mostró baja variabilidad, pero también baja consanguinidad. Simulaciones indican que el tamaño poblacional efectivo debe mantenerse en >75% actual para mantener el 90% de diversidad en 100 años. Posteriormente, se relevaron casi todas las poblaciones conocidas de huemul, observándose una baja variabilidad intrapoblacional, pero una gran variabilidad entre poblaciones; además se registraron al menos dos importantes refugios durante la Era Glaciar. Sin embargo, la conectividad entre grupos parece ser baja, donde análisis preliminares indican que poblaciones de la Patagonia presentarían alta estructuración y débil conectividad.



Aunque falta investigación para revertir la clasificación de Especie en Peligro del huemul, la información científica actual ya nos permite realizar acciones de manejo. Conocemos más sobre sus necesidades de hábitat y espacio, y que factores ambientales serían importantes desde el punto de vista sanitario. El conocimiento sobre su ecología molecular es lo más avanzado, dándonos ya guías a seguir tanto a nivel local como metapoblacional.

Agradecimientos: D. Velásquez, E. Sandvig, M. Morales, K. Hernández, V. Stevenson, P. Quevedo, J. Hamelin-Lalonde, R. Chihuailaf. Financiamiento: CONICYT 7912910016, DID-UACH, Organización CMV 2014

