



Universidad de Concepción
Dirección de Postgrado
Facultad de Ciencias Veterinarias - Programa de Doctorado en Ciencias
Agropecuarias

**Análisis molecular de la población de cerdos asilvestrados
del Parque Natural Karukinka, Tierra del Fuego, Chile:
Caracterización poblacional y relación
con cerdos de crianza local**

Tesis para optar al grado de Doctor en Ciencias Agropecuarias

PAULA VERÓNICA ARAVENA BUSTOS
CHILLÁN-CHILE
2015

Profesor Guía: Oscar Skewes Ramm
Dpto. de Ciencias Pecuarias, Facultad de Ciencias Veterinarias
Universidad de Concepción



Análisis molecular de la población de cerdos asilvestrados del Parque Natural
Karukinka, Tierra del Fuego, Chile: Caracterización poblacional
y relación con cerdos de crianza local

Aprobada por:

Oscar Skewes Ramm
Médico Veterinario
Dr Forest

Profesor Guía

Nicolás Gouin
Biólogo
Ms. Evolutionary Biology
Ph. D. Population Genetics and Conservation

Profesor Co-Guía

Aníbal Pauchard Cortés
Ingeniero Forestal
Doctor of Philosophy. School of Forestry

Evaluador Externo

Manuel Quezada Orellana
Profesor Titular
Médico Veterinario
Doctor en Veterinaria

Director de Programa



Agradecimientos

A todos aquellos que con su apoyo y colaboración hicieron posible la realización de este estudio

- A mi familia porque son todo en mi vida.
- A la Universidad de Concepción y Doctorado en Ciencias Pecuarias por la oportunidad que brindada para la adquisición del grado.
- A Wildlife Conservation Society–Chile (WCS), por la beca de tesis de postgrado y colaboración logística en el Parque Natural Karukinka.
- Al Centro de Estudios Avanzados en Zonas Áridas (CEAZA), por su contribución durante el proceso de análisis de muestras.
- A mis tutores Dr Skewes y Dr Gouin por su guía y apoyo en la realización de esta investigación.
- Al Director del Programa de Doctorado por su permanente apoyo y confianza.
- A mis buenos amigos: Alejandra, Claudia, Cristina, Heribelt, María José, Norma y Victoria.
- A Rosita, por su ejemplo de humildad y entereza.
- Y a quienes me tendieron una desinteresada mano durante este proceso: Andrés Felipe, Evelyn, Fredy, Angeline, Clarita, Daniela, Daniel, Dr Cox, Dr Rodríguez, Schuster, Katia, Rasme, Tico y Viviane.

Dado el impacto ambiental atribuido a *Sus scrofa* en todos los hábitat donde ha sido introducido, el control o erradicación de esta exótica es un reto que enfrenta la conservación de la biodiversidad del planeta. Chile cuenta con una de las poblaciones de cerdos asilvestrados más australes del mundo, en el Parque Natural Karukinka, región patagónica insular de importancia biológica global.

En respuesta a la limitada información existente acerca de las poblaciones asilvestradas en Chile y la necesidad de contar con una base de conocimiento sobre la cual gestar estrategias de control, surge el presente trabajo de tesis doctoral. Mediante herramientas de análisis molecular, complementadas con investigación biológica, se interpretó la historia, estado actual y pronóstico esperable de la población de cerdos asilvestrados de Isla Tierra del Fuego, Chile.

Entre el verano del 2010 y el otoño del 2011, se recopiló información a partir de encuestas y entrevistas, además de la indagación de signos inequívocos de la presencia de la especie en el sur de Tierra del Fuego (TDF). Posteriormente, se obtuvieron mediante caza, 37 ejemplares del suroeste (Timaukel) y cinco del sureste (Vicuña) del área de distribución. Se analizó la variación genética de la región control del ADN mitocondrial (*D-loop*) y 12 loci microsatélites de cada ejemplar silvestre incluidos 33 fetos, además de diez cerdos de crianza local. Sumado al análisis molecular, se indagó en las características fenotípicas, reproductivas, tróficas y estado sanitario general de la población en su distribución suroeste.

En base a los resultados se identificó el origen de los cerdos asilvestrados de TDF a partir de dos líneas europeas diferentes, que apoyan diferentes eventos de introducción. El primero, originado a partir del ingreso de líneas europeas antiguas en el ecosistema natural de Timaukel, a finales del siglo XIX, con o sin un paso previo por Oceanía. Mientras que el origen de la población de Vicuña se relaciona con las primeras introducciones de cerdos

Europeos en el territorio fueguino argentino, habiéndose establecido primero en esa distribución, para luego migrar a Chile por el suroeste.

Actualmente, los cerdos asilvestrados se distribuyen únicamente en las zonas de Timaukel y de Vicuña, constituyendo una población de carácter estable en la primera y esporádica en la segunda. El análisis molecular demostró la independencia entre estas poblaciones, sin evidencias de migración, ni translocación intencional de animales. Tampoco existe conexión reciente entre los centros de crianza local y las poblaciones de vida libre. En ambos sitios, los animales se encontraron habitando en bosques mixtos de *Nothofagus betuloides* – *N. pumilio* dentro y fuera del área protegida.

La población de Timaukel mostró moderada diversidad genética atribuible a los efectos del aislamiento, clima e intensos episodios de caza sobre un acotado número de animales. Dentro de esta población, los ejemplares se distribuyen en grupos matriarcales de hembras con un promedio de 4.7 integrantes por grupo. La paternidad está dominada por pocos machos reproductores.

Se encontraron significativamente más ejemplares jóvenes que adultos en Timaukel, sin diferencias significativas según sexo ($p > 0.05$), con condición corporal normal y longitud corporal que varió entre 1.3 y 1.5 m para las hembras y 1.4 a 1.6 m para los machos mayores a un año. Los dos fenotipos más comunes ($p < 0.05$) fueron pelo color negro corto y pelo color arena/negro corto o largo (71.4%), con perfil craneano subcóncavo en subadultos y adultos (> 90%). El promedio de edad de las hembras gestantes fue de 28 meses, mientras que en las hembras lactantes fue de 23.2 meses ($p > 0.05$), con la ocurrencia de nacimientos a lo largo de todo el año ($p > 0.05$), situándose la mayoría de ellos a finales de invierno.

La ecología trófica de la especie estuvo dominada ($p < 0.05$) por el consumo de raíces de gramíneas y dicotiledóneas (55.9%), entre ellas *Trifolium sp.*, *Ribes sp.*, *Ranunculus sp.* y *Taraxacum sp.* y de cuerpos fructíferos de la especie *Cyttaria darwinii* (37.3%), liderando ésta el volumen de consumo anual. Destaca la poca participación de los componentes animales en la dieta, superando escasamente el 3% del total consumido ($p < 0.05$) y

sustentado principalmente por el consumo de carroña e invertebrados, entre ellas, larvas del coleóptero nativo *Aulacopalpus pilicollis*. Todos los ejemplares estudiados se encontraron libres de patologías macroscópicas, endoparásitos y sin enfermedad clínica aparente. Únicamente destaca la presencia del ectoparásito *Haematopinus suis* en el 89% de los animales mayores a 5 meses ($p < 0.05$).

Finalmente, se determinó que el diseño de un plan de control de esta invasora deberá considerar dos poblaciones que tienen en común el aislamiento, la baja variabilidad genética y el limitado número de individuos, que forman grupos matriarcales fecundados principalmente por un macho alfa y adaptados a la disponibilidad trófica. Se sugiere que es un buen momento para comenzar con un plan de control de este invasor. Debido a que la población asilvestrada de Timaukel colinda con estancias ganaderas y un pequeño centro urbano, es crucial que cualquier estrategia de control sea implementada con un enfoque social, y dado que la frontera Chileno–Argentina de Tierra del Fuego no limita el movimiento de cerdos de un país a otro, se recomienda la elaboración de un plan de acción binacional.

Por otra parte, considerando la creciente importancia que tienen los recursos zoogenéticos en la gestión de la ganadería a escala mundial, esta población constituye un posible recurso zoogenético remoto.

Overall Summary

Given the environmental impact attributed to *Sus scrofa* in all habitats where it has been introduced, control or eradication of this invasive species is one of the biggest challenges facing the conservation of global biodiversity. Chile has one of the southernmost feral pig populations, its distribution is coincident with the Karukinka Natural Park, at the insular patagonia region which has of global biological significance.

There is limited information about this population and this doctoral thesis contributes to the knowledge base on which to establish future control strategies. Molecular and bioinformatic analysis, complemented by social and biological research provide insight for the history, current status and future outlook of this population.

Between summer 2010 and fall 2011, we collected information from surveys and interviews, in addition to field investigation of signs of the presence of the species in southern Tierra del Fuego (TDF). Subsequently, we obtained by hunting, 37 specimens from the southwest area (SW Timaukel) and five from the southeast area (SE Vicuña). Genetic variation in the control region of mitochondrial DNA (*D-loop*) and 12 microsatellite loci were analyzed from each specimen including 33 fetuses, plus ten samples of pig of small local breeders. In addition to molecular analysis, we investigate the phenotypic, reproductive and trophic characteristics and the general health status of the southwestern population.

Based on our results, the TDF feral pigs descend from two different european lines, which support different introduction events. The first would have originated from the entry of old european lines in the natural ecosystem of SW TDF, in the late nineteenth century, with or without a previous step on Oceania. On the other hand, the origin of the population in SE Vicuña is related to the first introductions of european pigs in the argentinian part of Tierra del Fuego, being first established there and then migrate to Chile.

Currently, feral pigs are distributed only in Timaukel and Vicuña areas, representing a population of stable character in the former and a sporadic population in the latter, with

probable seasonal migration from Argentina. Molecular analysis showed independence between both wild populations with no evidence of migration or intentional animal translocation. There was also no recent connection between local breeders and free-living populations. Both SW and SE animals are found mainly associated with mixed forests of *Nothofagus betuloides* – *N. pumilio* inside and outside the Karukinka protected area.

Timaukel population showed moderate genetic diversity attributable to the effects of isolation, climate and intense episodes of hunting in the past on a enclosed number of animals. Within this population, specimens were distributed in matriarchal groups, with an average of 4.7 members per group. Paternity was dominated by a few breeding males.

We found significantly more young specimens than adults of the both sexes in Timaukel, with average body condition $CC = 3$ and body length ranging between 1.3 and 1.5 m for females and 1.4 to 1.6 m for males older than one year. The two most common phenotypes ($p < 0.05$) were short black hair and sand/black short or long hair (71.4%), with cranial profile subconcave in subadults and adults ($> 90\%$). The average age of pregnant females was 28 months, whereas in females with young was 23.2 months ($p > 0.05$), and reaching most of them in late winter.

The trophic ecology of the species mainly autumn and winter was significantly ($p < 0.05$) influenced by the consume of roots from grasses and dicots (55.9%), including *Trifolium sp.*, *Ribes sp.*, *Rannunculus sp.* and *Taraxacum sp.* obtained from the outer zones to Karukinka Park, and fruiting bodies of the species *Cyttaria darwinii* (37.3%) within the park, leading the volume of annual consumption. There is a low participation of animal components in the diet, barely exceeding 3% of total consumption ($p < 0.05$) and supported primarily by the consume of carrion and invertebrates, including the native beetle larvae *Aulacopalpus pilicollis*. All specimens studied were free of macroscopic alterations, endoparasites and without apparent clinical disease. The ectoparasite *Haematopinus suis* in was present 89% of the animals older than 5 months ($p < 0.05$).

Finally, we determined that the design of a plan to control this invasive species must consider two populations that have in common the isolation, low genetic variability and limited number of individuals, which are matriarchal groups fertilized mainly by an alpha male and adapted to the food available. We suggest that it is possible to start a successful plan to control this invader, because the feral population of Timaukel adjoins ranches and a small urban center, it is crucial that any control strategy is implemented with a social focus, and since the Chile–Argentina border of Tierra del Fuego does not limit the movement of pigs from one country to another, we recommend developing a binational action plan.

Moreover, considering the increasing importance that have the animal genetic resources in the management of globally livestock, the use of this population can constitute an interesting and challenging field to promote the preservation of natural ecosystems without losing genetic resources that these remote wild populations may represent.

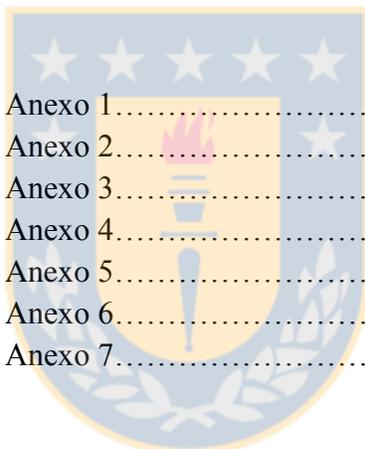


Tabla de contenidos

<i>Tema</i>	<i>Pág.</i>
<i>Agradecimientos</i>	<i>i</i>
<i>Resumen general</i>	<i>ii</i>
<i>Overall summary</i>	<i>v</i>
PARTE I Introducción	14
Introducción general.....	15
Marco conceptual.....	21
Hipótesis.....	39
Objetivos.....	40
PARTE II Cerdos asilvestrados en Tierra del Fuego, Chile	41
Capítulo 1 Origen filogenético de los cerdos asilvestrados del Parque Natural Karukinka y su relación con cerdos de crianza local.....	42
1.1 Introducción.....	43
1.2 Materiales y Métodos.....	45
1.2.1 Área de estudio.....	45
1.2.2 Muestras de tejido.....	45
1.2.3 Extracción de ADN, amplificación PCR y secuenciación.....	45
1.2.4 Análisis de datos.....	46
1.3 Resultados.....	47
1.3.1 Análisis de secuencias.....	47
1.3.2 Análisis filogenético.....	50
1.4 Discusión.....	53
1.4.1 Origen de los cerdos asilvestrados de TDF.....	53
1.4.5 Conectividad genética entre los cerdos asilvestrados y domésticos.....	54
Capítulo 2 Distribución y estructura poblacional de los cerdos asilvestrados del Parque Natural Karukinka.....	61
2.1 Introducción.....	62
2.2 Materiales y Métodos.....	63
2.2.1 Área de estudio.....	63

<i>Tema</i>	<i>Pág.</i>
2.2.2 Conocimiento ecológico local...	64
2.2.3 Transectos.....	64
2.2.4 Material biológico.....	65
2.2.5 Extracción ADN y análisis molecular.....	65
2.2.6 Diversidad genética y estructuración poblacional....	68
2.3 Resultados.....	72
2.3.1 Análisis de CEL y Transectos	72
2.3.2 Estructura genética de los cerdos asilvestrados de Tierra del Fuego.....	75
2.4 Discusión.....	89
2.4.1 CEL y transectos.....	89
2.4.2 Diversidad genética.....	90
2.4.3 Estructura genética.....	91
Capítulo 3 Biología de la población de cerdos asilvestrados de Timaukel.....	103
3.1 Introducción.....	104
3.2 Materiales y Métodos.....	105
3.2.1 Variables morfométricas.....	106
3.2.2 Variables discretas.....	107
3.2.3 Análisis de dieta.....	109
3.2.4 Análisis de datos.....	111
3.2.5 Identificación de muestras.....	111
3.3 Resultados.....	112
3.3.1 Distribución de sexo y edad de los ejemplares analizados.....	112
3.3.2 Variables biométricas y condición corporal.....	113
3.3.3 Color del manto y caracteres atípicos o ancestrales.....	118
3.3.4 Análisis reproductivo.....	118
3.3.5 Estado sanitario general.....	120
3.3.6 Ecología trófica.....	121

<i>Tema</i>	<i>Pág.</i>
3.4 Discusión.....	124
3.4.1 Ecología trófica.....	129
PARTE III Conclusiones.....	137
Conclusiones generales.....	138
Conclusiones parciales.....	139
PARTE IV Epílogo.....	141
Consideraciones generales.....	142
ANEXOS.	
Anexo 1.....	147
Anexo 2.....	151
Anexo 3.....	153
Anexo 4.....	157
Anexo 5.....	164
Anexo 6.....	169
Anexo 7.....	173



Índice de tablas

<i>Tabla</i>	<i>Pág</i>
1.1 Comparación de haplotipos de la región control del ADN mitocondrial analizados en este estudio con aquellos obtenidos desde literatura.....	48
1.2 Posición de los sitios variables de 30 haplotipos de la región control del ADN mitocondrial de cerdos de TDF y el mundo.	49
2.1 Principales datos colectados según muestras y ubicación geográfica.....	66
2.2 Loci de microsatélites analizados en este estudio, localización en el cromosoma, n° de acceso GenBank, secuencias de cebadores y principales variables PCR.....	68
2.3 Transectos y reconocimiento de signos de la presencia de cerdos asilvestrados en seis zonas del sur de TDF.....	74
2.4 Parámetros descriptivos para 11 loci polimórficos en el global de animales muestreados (n = 42).....	76
2.5 Lista de alelos únicos o privados por locus en las poblaciones Timaukel (n = 37) y Vicuña (n = 5).....	77
2.6 Variabilidad genética promedio de 11 loci microsatélites en Timaukel y Vicuña.....	77
2.7 Parámetros descriptivos para 11 loci polimórficos en la población de Timaukel...	78
2.8 Análisis de la varianza molecular (AMOVA) basada en la distancia genética entre individuos dentro y entre las poblaciones de Timaukel y Vicuña.....	79
2.9 Detalle de número de muestras incluyendo a todos los ejemplares muestreados en Timaukel + fetos (n = 70).....	87
3.1 Distribución temporal de los cerdos muestreados al suroeste de TDF.....	112
3.2 Frecuencias absoluta y relativa de sexos, de acuerdo al área y rango de edad.....	113
3.3 Promedio, D.E. y valores máximos y mínimos de las medidas corporales de los cerdos asilvestrados de TDF, ordenados por categoría de edad y sexo.....	114
3.4 Prueba F para las varianzas de las medidas corporales entre hembras y machos de todas las edades ($p < 0.05$).....	115
3.5 Análisis de la condición corporal según rango etario (n = 36).....	116
3.6 Hábitos de alimentación y principales ítems tróficos de los cerdos asilvestrados de Timaukel, TDF.....	122

Índice de figuras

<i>Fig.</i>	<i>Pág</i>
1.1 Mapa de los sitios de muestreo y distribución geográfica de los haplotipos de ADNmt encontrado en los cerdos asilvestrados y domésticos de TDF chilena.....	46
1.2 Árbol filogenético basado en la variación de 652pb de la región control del ADNmt.....	50
1.3 Red de 30 haplotipos de la región control del ADNmt descritos en la Tabla 1.1.....	51
1.4 Estructura genética de los cerdos de Tierra del Fuego, mediante análisis de 12 microsatélites nucleares.....	52
1.5 Cerdos hijos de una hembra capturada preñada desde el medio natural en el sector Vicuña.....	55
2.1 A) Histograma del K óptimo (ΔK) para 12 loci de 26 ejemplares adultos. B) Asignación de los individuos (n = 42) según pertenencia en las poblaciones Timaukel y Vicuña.....	80
2.2 Análisis de coordenadas principales basado en la matriz de distancias genéticas para las zonas geográficas Timaukel y Vicuña.....	81
2.3 Barreras genéticas detectadas mediante método de Monmonier.....	83
2.4 Gráfica del análisis del paisaje genético en cuadrícula de 50x40, donde los ejes X e Y se circunscriben a ubicaciones geográficas en el paisaje físico general de Timaukel, y el eje Z (alto) refleja el promedio de las distancias genéticas interindividuales.....	83
2.5 Correlograma del análisis de autocorrelación espacial de machos (n = 8) y hembras adultas (n = 11). Donde la correlación genética (r) se representa como una función de distancia. U y L representan los límites de significancia (95%), cuya hipótesis nula es la ausencia de estructura genética.....	84
2.6 Mapa esquemático de la distribución de los cerdos asilvestrados de la zona de Timaukel, según sexo y rango etario. RB: Sector Río Bueno; L4: Sector Lote 4.....	85
2.7 Esquema de la genealogía de los cerdos asilvestrados de Timaukel, Tierra del Fuego, Chile, inferida a partir de resultados de los programas ML–RELATE, CERVUS y datos de campo.....	88

<i>Fig.</i>	<i>Pág</i>
2.8 Diagrama del perfil topográfico interpretativo de las zonas norte, centro y sur del Parque Natural Karukinka.....	92
3.1 Esquema de las medidas corporales obtenidas de 36 cerdos asilvestrados de TDF, Chile.....	106
3.2 Grafica de dispersión de análisis bivariado para las medidas LC y Cr.....	115
3.3 Dendrograma de similaridad entre el tamaño corporal de hembras y machos de distinto rango etario.....	116
3.4 Variantes del color del manto presentes en la población de cerdos asilvestrados de Timaukel.....	117
3.5 Distribución de los partos según estación del año.....	119
3.6 Ectoparásitos de los cerdos asilvestrados. A: Adultos y huevos de <i>Haematopinus suis</i> adheridos al pelo y piel de <i>Sus scrofa</i> ; B: Huevos eclosionados y C: ejemplar adulto de <i>H. suis</i>	120
3.7 Detalle de la frecuencia relativa de los ítems alimenticios consumidos por cerdos asilvestrados no lactantes según zona de caza.....	123
3.8 Imagen histológica del corte transversal de un elemento denso encontrado en el estómago de <i>Sus scrofa</i> , identificado como <i>estratum medium</i> de la suela de Artiodáctilo.....	124



PARTE I

Introducción

Introducción general

La introducción de especies exóticas en ambientes naturales constituye una reconocida amenaza a la estabilidad de los ecosistemas naturales, sistemas pecuarios y salud humana, considerándose como uno de los principales factores ligados a la reducción de la biodiversidad del planeta (Chapin *et al.*, 1997; Ruiz *et al.*, 1997; Mack *et al.*, 2000). La liberación de especies domésticas al medio silvestre, por escape o por abandono, ha resultado en la generación de nuevas poblaciones de vida libre que suelen aumentar de tamaño y colonizar nuevos territorios (Tylianakis *et al.*, 2008; Bradley, 2009). Los efectos perjudiciales de estas poblaciones son numerosos y a menudo irreversibles (Hampton *et al.*, 2004a, 2004b; Gilchrist y Lee, 2007).

Sus scrofa, en su forma doméstica o salvaje, se ha establecido, en un gran número de islas oceánicas, en un proceso inherente a la expansión humana (ejemplo Hone, 2002; Edwards *et al.*, 2004; Spencer *et al.*, 2005). En las primeras etapas de la colonización española y portuguesa, el cerdo doméstico fue introducido en América continental e insular (Lowe *et al.*, 2000; Mittermeier *et al.*, 2002), apareciendo en los bosques del sur de la Isla Grande de Tierra del Fuego (TDF 53°51'S; 70°3'O), a principios del siglo 20 (Latham, 1922). Actualmente, esta distribución corresponde a uno de los ecosistemas más australes que *Sus scrofa* ha colonizado en el mundo, cuyo escenario insular, se encuentra dentro de los límites naturales del Parque Natural Karukinka (Silva y Saavedra, 2008). Esta reserva privada, administrada por Wildlife Conservation Society (WCS) resguarda 37 diferentes tipos de hábitat, el 66% de los mamíferos y más del 76% del total de la flora de Tierra del Fuego, con un nivel de endemismo de aproximadamente el 11%, destacando como un área de alto valor ecológico (Moore, 1983; Arroyo *et al.*, 1996). Las extensiones de bosque subantártico que aquí coexisten no se encuentran en otras áreas de la misma latitud en el mundo (Saavedra, 2006; Silva y Saavedra, 2008). Dado el valor global que el bosque nativo de Tierra del Fuego representa, se reconoce la necesidad de control y erradicación de especies invasoras, conocidas por sus efectos perjudiciales en los ecosistemas insulares en que han sido introducidas (Saavedra, 2006; Silva y Saavedra, 2008). Trabajos recientes han identificado algunas medidas indispensables para el éxito de ambos, control o erradicación, como: obtener información básica sobre la población

invasora, identificar la participación de la comunidad local en la liberación de ejemplares domésticos al ambiente silvestre y optimizar el tiempo y costos de gestión (Campbell y Long, 2009; Carrión *et al.*, 2011).

Obtener información detallada acerca de la biología social de las especies crípticas, inaccesibles o agresivas, mediante los métodos convencionales de observación directa es en general, un proceso largo, caro y dificultoso (Choquenot *et al.*, 1996; Sarre *et al.*, 2000). El uso de tecnología genética ofrece un enfoque diferente del campo tradicional del estudio de poblaciones (Hampton *et al.*, 2004a; Nikica *et al.*, 2006). Cada vez, se utilizan con mayor frecuencia las secuencias genéticas individuales como marcadores moleculares para caracterizar poblaciones e inferir la variabilidad de su reservorio genético, los cambios que puede sufrir la composición del mismo en el tiempo y los procesos que explican dichos cambios (Allendorf y Luikart, 2007; Marrs *et al.*, 2008; Trewick *et al.*, 2008). El análisis de marcadores moleculares, puede orientar la interpretación de la historia, estado actual y pronóstico de las poblaciones naturales, a partir de una muestra mínima de tejido, sangre o células presentes en placenta, heces, pelos, huesos o astas de ejemplares vivos o muertos (Gabor *et al.*, 1999; Sarre *et al.*, 2000; Zenger *et al.*, 2003; Nikica *et al.*, 2006). Ejemplo de esto, son los trabajos de Hampton *et al.* (2004a, 2004b) y Spencer y Woolnough (2004), quienes utilizaron técnicas de análisis molecular para describir la estructura de la población de cerdos asilvestrados en el suroeste occidental de Australia, definiéndola como un conjunto de sub-poblaciones de carácter matriarcal establecidas alrededor los principales cursos de agua. Esta información fue relevante para elaborar la estrategia de manejo que se utilizó en el control de la migración de cerdos entre áreas relativamente cercanas.

Innovaciones en el campo de la genómica y la bioinformática, ofrecen la posibilidad de explorar la dinámica social y los patrones de expresión genética aplicada al control de especies invasoras, hasta ahora no desarrollado en Chile. La inferencia estadística bayesiana, por ejemplo, basada en el teorema de Bayes (1973), ha sido considerada como una herramienta alternativa a la estadística clásica, y la más apropiada para el estudio de ecología y manejo de poblaciones silvestres. Permite incorporar información *a priori*, externa al estudio, para con

ella y los propios datos observados estimar la probabilidad de un determinado valor del parámetro dado (Ellison, 1996; Wade, 2000; Frantz *et al.*, 2009).

Con objeto de subsanar la carencia de información alrededor de la población de cerdos asilvestrados en Tierra del Fuego, y dada la necesidad de contar con una base de conocimiento sobre la cuál gestar estrategias de control, surge el presente trabajo de tesis. Las motivaciones, desarrollo y conclusiones parciales de esta investigación se presentan en un formato escrito organizado en cuatro partes principales y tres capítulos. Además, se indican las hipótesis generales asociadas, los objetivos propuestos. Para interiorizar al lector en los eventos locales y detalles de los análisis se incorporaron evidencias fotográficas, gráficos y tablas, ya sea dentro de los capítulos o en archivos anexos, incorporados al finalizar este documento.

La **PARTE I** de este trabajo, pone en contexto a *Sus scrofa domestica*, desde sus orígenes como especie domesticada y posterior reincorporación al medio silvestre. Además, aborda algunas características propias de la especie, las poblaciones asilvestradas existentes en Chile y Latinoamérica, el impacto que su liberación ha generado sobre los ecosistemas, las necesidades de control y los avances en el desarrollo de herramientas moleculares como propuestas de gestión de invasoras.

La **PARTE II** se refiere a la investigación propiamente tal, dividido en tres capítulos que analizan las variables genéticas, geográficas y somáticas de los cerdos asilvestrados en Tierra del Fuego, además de un cuarto capítulo con las conclusiones finales. El método analítico principal se valió del estudio de la región D-loop mitocondrial y genotipificación de 12 marcadores microsátélites, complementado con datos ambientales, históricos y demográficos (distribución, edad, tamaño y reproducción), como una integración innovadora y eficiente en el reconocimiento de los cambios genéticos y sociológicos asociados a la colonización, asentamiento y mantención de esta población invasora en el extremo austral de Chile. El **Capítulo 1** indaga en el origen filogenético de *S. s. domestica* en TDF y posible vínculo con cerdos domésticos de crianza local. En el **Capítulo 2** se analiza el rango de distribución geográfica de la población asilvestrada, mediante análisis de conocimiento ecológico local (CEL), transectos y sistemas de información geográfica (SIG). Además, explora la diversidad

genética individual y grupal de los cerdos de TDF, la existencia de poblaciones o unidades de reproducción aisladas, dinámica social y flujo génico. En esta etapa de la investigación, se indaga también en la presencia de barreras geográficas a la distribución dentro y/o fuera del Parque Natural Karukinka. Como la diversidad genética en una población está fuertemente influenciada por el sistema de cría y los patrones de dispersión, que a su vez, dependen de la edad y el sexo de los dispersores, el **Capítulo 3** analiza las características biológicas, reproductivas y tróficas de la especie en la zona sureste de TDF, además de una evaluación sanitaria general de los ejemplares muestreados y análisis de ecología trófica.

Las conclusiones generales y parciales asociadas a las hipótesis y objetivos planteados se presentan en la **PARTE III**.

Finalmente, cierra este documento de investigación una **PARTE IV**, donde se discute la información recolectada y se analizan las consideraciones para la gestión de esta especie invasora en Isla Tierra del Fuego.

En consecuencia, la presente investigación propone las bases para futuros planes de control de la especie *S. s. domestica* en el Parque Natural Karukinka, mediante la caracterización de la población de cerdos asilvestrados y su vinculación reproductiva con cerdos domésticos de crianza local, respondiendo de esta manera, a la necesidad de información poblacional de esta invasora asentada en uno de los ecosistemas naturales más australes del mundo (Silva y Saavedra, 2008).

Esta investigación se llevó a cabo en el marco del programa “Beca Karukinka para el financiamiento de Tesis en Conservación” tema “Manejo de especies exóticas” y fue parcialmente financiada por i) Wildlife Conservation Society–Chile (WCS), beca Karukinka, ii) Universidad de Concepción y iii) Project INNOVA–CORFO “Center of Biotechnology for the Development of Arid Zones – Biotecza” #06FC011BC–71 y iv) Centro de Estudios Avanzados en Zonas Áridas (CEAZA).

Referencias Introducción

- Allendorf F y Luikart G (2007) Conservation and the genetics of populations. Blackwell publishing, Oxford. UK. 642pp
- Arroyo MT, Donoso C, Murua R, Pisano E, Schlatter RP y Serey IA (1996) Toward an ecologically sustainable forestry project. Concepts Analysis and Recommendations. Universidad de Chile, Santiago
- Bradley-Engen MS y Ulmer JT (2009) Social worlds of stripping: The processual orders of exotic dance. *The Sociological Quarterly* 50(1): 29–60
- Campbell T y Long D (2009) Feral swine damage and damage management in forest ecosystem. *Forest Ecology and Management* 257: 2319–2326
- Carrion V, Donlan CJ, Campbell KJ, Lavoie C y Cruz F (2011) Archipelago-wide island restoration in the Galápagos Islands: reducing costs of invasive mammal eradication programs and reinvasion risk. *PLoS One* 6:e18835
- Chapin FS, Walker BH, Hobbs RJ, Hooper DU, Lawton JH, Sala OE y Tilman D (1997) Biotic control over the functioning of ecosystems. *Science* 277 (5325): 500–504
- Choquenot D, McIlroy J y Korn T (1996) Managing vertebrate pests: feral pigs. Bureau of Resource Sciences, Canberra, Australian Publishing Service, Canberra, Australian Capital Territory, Australia
- Edwards GP, Pople AR, Saalfeld, K y Caley P (2004) Introduced mammals in Australian rangelands: future threats and the role of monitoring programmes in management strategies. *Austral Ecology* 29(1): 40–50
- Frantz AC, Cellina S, Krier A, Schley L y Burke T (2009) Using spatial Bayesian methods to determine the genetic structure of a continuously distributed population: clusters or isolation by distance? *Journal of Applied Ecology* 46: 493–505
- Gabor TM, Hellgren EC, Van Den Bussche RA y Silvy NJ (1999) Demography, sociospatial behaviour and genetics of feral pigs in a semi-arid environment. *Journal of Zoology London* 247: 311–322
- Gilchrist GW y Lee CE (2007) All stressed out and nowhere to go: does evolvability limit adaptation in invasive species? *Genetica* 129(2), 127–132
- Hampton J, Pluske J y Spencer P (2004a) A preliminary genetic study of the social biology of feral pigs in south-western Australia and the implications for management. *Wildlife Research* 31: 375–381
- Hampton J, Spencer P, Alpers D, Twigg L, Woolnough A, Doust J, Higgs T y Pluske J (2004b) Molecular techniques, wildlife management and the importance of genetic populations structure and dispersal: a case study with feral pigs. *Journal of Applied Ecology* 41: 735–743
- Hone J (2002) Feral pigs in Namadgi National Park, Australia: dynamics, impacts and management. *Biological Conservation* 105(2): 231–242
- Latham RE (1992) Los animales domésticos de la América pre-Colombiana [The Domestic Animals of Pre-Columbian America] *Museo de Etnología e Antropología Publicación* 3(1): 1–199
- Lowe S, Browne M, Boudjelas S y De Poorter M (2000) 100 of the World's Worst Invasive Alien Species A selection from the Global Invasive Species Database. Published by The

- Invasive Species Specialist Group (ISSG) a specialist group of the Species Survival Commission (SSC) of the World Conservation Union (IUCN) 12pp
- Mack RN (2000) Cultivation fosters plant naturalization by reducing environmental stochasticity. *Biological Invasions* 2: 111–122
- Marrs RA, Sforza R y Hufbauer RA (2008) When invasion increases population genetic structure: a study with *Centaurea diffusa*. *Biological Invasions* 10(4): 561–572
- Mittermeier R, Mittermeier C, Robles-Gil P, Pilgrim J, Fonseca G, Brooks K y Konstant J (2002) Wilderness: Earth's last wild places. Conservation International, Washington, District of Columbia, USA. pp 573
- Moore DM (1983) Flora of Tierra del Fuego. Anthony Nelson, England, Missouri Botanical Garden, USA. 369 pp
- Nikica Š, Roman S, Tea T, Marina P, Tomislav T y Ivica A (2006) The use of molecular methods on wild boars (*Sus scrofa* L.) Primjena molekularnih metoda na divljim svinjama (*Sus scrofa* L.). *Journal of Central European Agriculture* 7(1): 117–120
- Ruiz GM, Carlton JT, Grosholz ED y Hines AH (1997) Global invasions of marine and estuarine habitats by non-indigenous species: mechanisms, extent, and consequences. *American Zoologist* 37(6): 621–632
- Saavedra B (2006) Karukinka, nuevo modelo para la conservación de biodiversidad. Iniciativas de Conservación. *Revista Ambiente y Desarrollo* 22(1): 21–27
- Sarre SD, Aitken N, Clout MN, Ji W, Robins J y Lambert DM (2000) Molecular ecology and biological control: the mating system of a marsupial pest. *Molecular Ecology* 9(6): 723–733
- Silva CA y Saavedra B (2008) Knowing for controlling: ecological effects of invasive vertebrates in Tierra del Fuego. *Revista Chilena de Historia Natural* 81: 123–136
- Spencer P y Woolnough AP (2004) Size should matter: Distribution and genetic considerations for pest animal management. *Ecological Management & Restoration* 5(3), 231–234
- Spencer P, Lapidge SJ, Hampton JO y Pluske JR (2005) The sociogenetic structure of a controlled feral pig population. *Wildlife Research* 32: 297–304
- Trewick SA (2008) DNA Barcoding is not enough: mismatch of taxonomy and genealogy in New Zealand grasshoppers (Orthoptera: Acrididae). *Cladistics* 24(2): 240–25
- Tylianakis JM, Didham RK, Bascompte J y Wardle DA (2008) Global change and species interactions in terrestrial ecosystems. *Ecology letters*. 11(12): 1351–1363
- Wade PR (2000) Bayesian methods in conservation biology. *Conservation Biology* 14(5): 1308–1316
- Zenger KR, Richardson BJ y Vachot-Griffin AM (2003) A rapid population expansion retains genetic diversity within European rabbits in Australia. *Molecular Ecology* 12(3): 789–794

Clasificación taxonómica

Reino: Animalia

Filo: Chordata

Clase: Mammalia

Orden: Cetartiodactyla

Suborden: Suina

Familia: Suidae

Subfamilia: Suinae

Género: *Sus*

Especie: *Sus scrofa*

Subespecie: *Sus scrofa domestica*

De acuerdo con la clasificación actual, los cerdos pertenecen al orden Cetartiodactyla, que resultó de la combinación de los antiguos órdenes Artiodactyla y Cetacea, propuesta por Wadell *et al.* (1999). Sin embargo, ya que los cetáceos en realidad se encuentran anidados dentro de Artiodactyla, se ha generado cierta discrepancia entre quienes apoyan o no la nueva nomenclatura (ejemplo Archibald, 2003; Helgen, 2003; Albarella *et al.*, 2007).

Basado en análisis morfológico, filogenético y molecular se aceptan cuatro sub órdenes (1) Tylopoda: camélidos, (2) Suiformes o Suina: cerdos y pecaríes, (3) Ruminantia: rumaintes y el (4) y más reciente Cetancodonta: hipopótamos, delfines y ballenas (O'Leary y Gatesy, 2008). El Suborden Suiformes está compuesto por las Familias Tayassuidae (pecaríes) y Suidae (cerdos). Tayassuidae consta con tres géneros originarios de América, cada uno representado por una sola especie, mientras que Suidae es más diversa con seis géneros y casi veinte especies originarias de Eurasia, sudeste de Asia y África (Rothschild y Ruvinsky, 2011).

Los primeros indicios de la presencia del género *Sus* datan del período Mioceno Superior (hace 6 a 5.3 millones de años), probablemente originada en una isla del sudeste asiático y

dispersada al medioambiente Europeo (Groves, 1981; Pickford, 1993; Larson *et al.*, 2005). Una de las especies más reconocidas por su alta diversificación es *Sus scrofa* (Linnaeus, 1758). Se han identificado 23 a 24 subespecies de *S. scrofa* en función de las características evaluadas, como morfología del cráneo, patrones del coloración del pelo, polimorfismos bioquímicos y moleculares, ecología, aislamiento reproductivo y distribución (Aravena y Skewes, 2007; Chen *et al.*, 2007). Entre ellas, *S.s. vittatus* (Región de Malayan), *S. s. cristatus* (Jabalí indio) *S.s. scrofa* (Jabalí europeo) y *S.s. domestica* (originaria de Eurasia y de distribución cosmopolita), usualmente distribuidas en áreas geográficas distintas.

Etimología y semántica

Cerdo, chanco, puerco, marrano

Las expresiones “cerdo”, “chancho”, “puerco” o “marrano” han sido ampliamente utilizadas por la literatura científica de países de habla hispana para referirse a la especie *Sus scrofa domestica* indistintamente de la raza, edad o condición sexual (ejemplo Benítez y Sánchez, 2001; Pérez–Carusi *et al.*, 2009). A pesar que estos términos nunca se utilizan para señalar especies ajenas al género *Sus*, la palabra “cerdo” también ha sido empleada para identificar a otras especies del mismo género como *Sus barbatus* (cerdo o jabalí barbudo), *Sus bucculentus* (cerdo indochino de Warty o jabalí vietnamita), *Sus cebifrons* (cerdo verrugoso o jabalí de las Bisayas), *Sus celebensis* (cerdo salvaje de Sulawesi o jabalí celebiano), *Sus philippensis* (cerdo verrugoso de Filipinas o jabalí filipino), *Sus timoriensis* (cerdo o jabalí verrugoso de Timor), *Sus verrucosus* (cerdo o jabalí verrugoso de Javan).

Generalmente se hace referencia de *S.s. domestica* como “cerdo doméstico” independiente de su estado de existencia (ver más adelante), ya que difiere del resto de las especies del mismo género por ser la única del grupo domesticada y distribuida globalmente (Lowe *et al.*, 2000; Mittermeier *et al.*, 2002). Las otras especies del mismo género suelen ser denominadas indistintamente como cerdo salvaje o jabalí, principalmente por poseer características fenotípicas similares a *Sus scrofa scrofa* (jabalí europeo).

Se desconoce la etimología de la palabra “cerdo”, sin embargo se le atribuye una posible derivación del latín “*cirra*”, utilizado para señalar el pelo (cerdas) del animal. El étimo del término “marrano” deriva del árabe *muharram* (de pronunciación *maharram*), que significa “cosa prohibida” haciendo referencia a la prohibición tanto musulmana como judía de comer carne de cerdo. La palabra “chancho” posee su origen en “*sancho*”, término español derivado de “*sanch*” voz utilizada para llamar a los cerdos. “Puerco”, palabra de origen latino “*porc*” y “porcino” del latín “*porcinus*”, han sido indistintamente utilizadas para hacer referencia de los cerdos. El término “puerco” ha sido utilizado tanto para referirse a *S.s. domestica*, como a especies de la Familia Hystricidae (“puercoespín”). Otros términos como “lechón” y “verraco” acostumbran ser utilizados para señalar a cerdos jóvenes (que no hayan alcanzado la madurez sexual) y a machos adultos respectivamente.

Doméstico, asilvestrado, silvestre

Según el estado de existencia, *S.s. domestica* puede clasificarse como doméstico, asilvestrado o silvestre, de acuerdo a dos criterios fundamentales (1) grado de influencia humana sobre el acervo genético y (2) presión de la selección natural (Brisbin *et al.*, 1977; Diong, 1982).

De acuerdo a Ervynck *et al.* (2001), “doméstico” y “silvestre” corresponden a polos opuestos en una variedad de posibilidades intermedias de la condición de vida de una población animal, en que la forma “silvestre” descarta cualquier participación directa o indirecta del ser humano, y “doméstico” se caracteriza porque tanto la supervivencia, reproducción y nutrición reciben una completa modelación humana. Regidos por este concepto, un animal sólo podrá ser considerado como doméstico, cuando el ser humano ha intervenido de manera consciente y prolongada en muchos aspectos o la totalidad de su ciclo de vida.

Se considera que una población es asilvestrada cuando posee un origen doméstico, pero ha vuelto a su condición de libertad y ya no depende del ser humano para su subsistencia o reproducción (Diong, 1982). En consecuencia, el acervo genético de una población asilvestrada difiere de la de su antepasado silvestre, ya que en algún momento fue moldeado por la selección artificial (Giuffra *et al.*, 2000). No obstante, puede recuperar patrones

biológicos propios de sus ancestros y la selección natural actúa sobre su patrimonio genético futuro (Diong, 1982).

En lengua hispana los étimos “*cimarrón*”, “*bagual*”, “*montarás*”, “*alzado*”, “*caracolero*” y “*asilvestrado*” son considerados sinónimos (Revidatti *et al.*, 2005). En algunos países de Centro y Sudamérica como Cuba, Venezuela, México, Perú, Brasil y Argentina, existe la denominación “*criollo*” para el cerdo de crianza campesina, considerado descendiente directo de los primeros ejemplares ibéricos liberados en el Nuevo Mundo (Revidatti *et al.*, 2005; Linares-Ibáñez *et al.*, 2011). Por lo tanto, corresponden a ejemplares domésticos que en algún momento de su historia evolutiva conformaron poblaciones asilvestradas y cuya descendencia ha vuelto a depender directa o indirectamente del ser humano.

En este trabajo, se utiliza la denominación “*cerdo/s doméstico/s*” para referirse a ejemplares de la especie *Sus scrofa domestica* en condición de crianza por el hombre, con propósito de sacrificio y/o reproducción, alejados de la selección natural. En cambio, se denomina “*cerdo/s asilvestrado/s*” a los ejemplares de la especie *Sus scrofa domestica* que habitan y forman parte de poblaciones libres en el medio silvestre, sujetos a la presión de la selección natural. Con objeto de facilitar la comprensión, se asume como población a los individuos que pertenecen a una misma localidad de muestreo, con lo que se definen las poblaciones Timaukel y Vicuña. En el Capítulo 2 encontrará un análisis detallado de este asunto.

Domesticación

Con el auge del asentamiento de las tribus humanas en el Holoceno temprano, algunas especies de grandes mamíferos fueron domesticadas (Benecke, 1993). La historia acerca de la domesticación de la especie *Sus scrofa* ha estado sujeta a complejas controversias, sugiriendo procesos múltiples de domesticación independientes en el Lejano y Cercano Oriente y Europa (Epstein y Bichard, 1984; Giuffra *et al.*, 2000). Hallazgos arqueológicos sugieren un primer episodio de domesticación en territorio de India Oriental y sudeste asiático durante el periodo Neolítico (~ 9.000 a.c.) y un segundo evento habría ocurrido unos 2.000 años más tarde, en Jericó (Jordania), al norte del Mar Muerto (Holden y Ensminger, 2006). Sin embargo, evidencia molecular ha revelado que el proceso de domesticación ocurrió de forma

independiente y posterior al origen del cerdo indio oriental (ejemplo Giuffra *et al.*, 2000; Kijas *et al.*, 2001). Basados en el análisis de ADN mitocondrial, se sugiere concretamente el origen de *Sus scrofa*, en una isla del sureste asiático (Filipinas, Indonesia), desde donde se dispersó por el resto de Eurasia para finalmente dar origen al cerdo doméstico en diversos puntos de Eurasia y Europa, en un proceso de domesticación “múltiple e independiente”, separadas por miles de kilómetros y miles de años (Larson *et al.*, 2005; Chen *et al.*, 2007). Por otro lado, existe evidencia de la introgresión de líneas Asiáticas en Europa, lo que sugiere un origen híbrido para algunas razas suínas Europeas. Esto concuerda con documentación histórica, que señala que los cerdos asiáticos fueron empleados para mejorar las razas Europeas en el transcurso del siglo XVIII y principios de XIX (Giuffra *et al.*, 2000; Kijas y Andersson, 2001).

La coexistencia de las distintas razas de cerdo doméstico en tiempo y espacio con sus antepasados silvestres, pone a los suinos en una posición muy privilegiada desde el punto de vista del estudio evolutivo (ejemplo Kim *et al.*, 2002; Larson *et al.*, 2005). Las actuales estrategias de análisis, permiten estimar la magnitud y varianza de la diversidad genética entre los loci, proporcionando una visión de la historia demográfica de la domesticación y su efecto en las poblaciones (Chen *et al.*, 2007).

***Sus scrofa domestica* en Latinoamérica**

De acuerdo con Schüttler y Karez (2008), las especies invasoras de fauna más frecuentes y con una amplia distribución en la región de América Latina y el Caribe son los mamíferos domésticos en estado asilvestrado como: burro (*Equus asinus*), caballo (*Equus caballus*), cabra o chivo (*Capra hircus*), conejo europeo (*Oryctolagus cuniculus*), gato (*Felis catus*), jabalí o cerdo asilvestrado (*Sus scrofa*), liebre europea (*Lepus europaeus*), perro (*Canis lupus familiaris*) y bovino (*Bos taurus*).

Las poblaciones americanas de cerdos asilvestrados tienen su origen en una o varias razas de cerdos domésticos liberados durante la colonización española (Crosby, 1986; Mauget, 1991; Choquenot *et al.*, 1996). La primera introducción fue realizada por Cristóbal Colón en su segundo viaje (1493), quién liberó ocho ejemplares en el ambiente natural haitiano (Barros Arana, 1865; Donkin, 1985; Baker, 1986). Posteriormente, fueron llevados a las islas de Santo

Domingo y Cuba, desde donde fueron llevados hacia Colombia, Venezuela, Perú y Ecuador. En Brasil, los primeros cerdos llegaron con Alfonso de Souza en 1532, desde Portugal hasta San Vicente, en el litoral del actual Estado de San Pablo (Mariante y Cavalcante, 2000). Arribaron a Argentina alrededor de 1590 desde España y desde el Virreinato del Perú. Estos animales, descendientes directos de líneas ibéricas se importaron y difundieron junto a líneas comerciales, en todas las regiones del continente por tierra y por mar. En la actualidad se han documentado poblaciones asilvestradas en México, Argentina, Cuba, Ecuador y Chile (Tershy *et al.*, 2002; Schüttler y Karez, 2008).

Durante los primeros días de enero de 1540, el Conquistador Pedro de Valdivia, viajó por tierra desde Perú a Chile con un número desconocido de cerdos y gallinas para proveer alimentación a los migrantes (Latham, 1922). Al llegar a Valle el Mapocho (actual Región Metropolitana) en diciembre de 1540, dio origen al primer punto de crianza de cerdos en el país. Tras la batalla indígena-hispana del once de septiembre de 1541, sólo quedaron dos cerdas y un lechón. Con ellos se retomó la crianza hasta que dos años más tarde la descendencia se había propagado de tal manera que tuvieron que reglamentar la mantención de los porcinos que vagaban libres por la ciudad. A comienzos de 1558 el ejército español se instaló en Purén y Cayucupil en el sur de Chile, con aproximadamente 1500 cerdos que fueron mantenidos en libertad. Desde aquí se enviaron suinos hacia distintos lugares de colonización en el sur del país.

A partir de 1847, Chile recibe los primeros animales de razas comerciales (Duroc, Hampshire, Landrace, Large White, PIC, Pietrain y Yorkshire) con el fin de estandarizar la producción porcina nacional (Gay, 1847; Cuadra, 1866; DAD-IS, 2012). En 1850–60, ya habían grupos de cerdos asilvestrados en Ancud, Chiloé, Llanquihue, Osorno y la costa oeste de la Patagonia (Pérez-Rosales, 1859; Cuadra, 1866). Algunas especies de vertebrados exóticos como *Sus scrofa*, son actualmente invasores en la Región de Magallanes, en particular en Isla Tierra del Fuego, donde el número de especies exóticas supera el de especies vertebradas nativas (Anderson *et al.*, 2008).

A pesar que el conocimiento acerca de este artiodáctilo invasor en Chile y el resto de Latinoamérica es limitado y fragmentado, existe un interés creciente por investigar sobre las técnicas más apropiadas para su control (ejemplo Merino y Carpinetti, 2003; Saavedra, 2006; Silva y Saavedra, 2008).

Impacto

Las especies nativas se encuentran de manera natural en una región como resultado de un largo proceso de adaptación a las condiciones ambientales existentes y del desarrollo de complejas interacciones con otras especies. Las especies exóticas invasoras, movilizadas por medios naturales o por actividades humanas que llegan a establecerse fuera de su área de distribución natural, ponen en riesgo la sobrevivencia del ecosistema receptor animal, vegetal y humano (Schüttler y Karez, 2008).

En Centroamérica el impacto de *S.s. domestica* se ha marcado desde los comienzos de su introducción insular, donde las poblaciones asilvestradas se multiplicaron de tal manera, que los isleños tuvieron que cazarlos ayudados con perros poco después de la liberación inicial en el continente, dada la masiva destrucción de cultivos, ataque a seres humanos, y depredación sobre el ganado (Holden y Ensminger, 2006). En Australia, Estados Unidos, Nueva Zelanda e Islas Galápagos por ejemplo, la introducción de *S. s. domestica* en ambientes naturales se ha reconocido como un factor de alto impacto ecosistémico y económico de interés nacional, principalmente por enturbiamiento y contaminación de las fuentes de agua, erosión del suelo por hozadura e introducción y transmisión de agentes infecciosos a nuevos ambientes (Clobenz y Baber, 1987; Torchin *et al.*, 2003; Hampton *et al.*, 2006). Mediante el consumo de especies, modifican las tramas tróficas y la red evolutiva de las poblaciones locales, ya sea estimulando respuestas adaptativas o provocando su extinción (Cushman *et al.*, 2004; Ditchkoff y West, 2007; Wallem *et al.*, 2007). Sobre sistemas agrícolas y pecuarios las poblaciones de cerdos asilvestrados ocasionan daño directo sobre animales y cultivos, y actúan como reservorios y vectores de parásitos y enfermedades de relevancia mundial como: triquinosis, leptospirosis, brucelosis, tuberculosis, salmonelosis, enfermedad de Aujeszky, fiebre aftosa, peste porcina y encefalitis, que afectan tanto al ganado doméstico como al ser humano (Witmer *et al.*, 2003; Caley y Hone, 2004; Fenwick *et al.*, 2004; Paes *et al.*, 2013). O

incluso pueden actuar como reservorio de enfermedades emergentes, ejemplo de esto, es la identificación de un virus similar a la hepatitis B humana en cerdos domésticos de China (Li *et al.*, 2010) y Brasil (Vieira *et al.*, 2012).

Control

Para hacer conservación y uso sustentable del patrimonio natural mundial, es necesario revertir las tendencias de deterioro y frenar los factores de presión que amenazan la biodiversidad (Simberloff, 2000). Por ello, es importante prevenir graves desequilibrios ecológicos, mediante el manejo, control y erradicación de aquellas especies que se han vuelto invasoras (Schüttler y Karez, 2008).

El control y erradicación de especies invasoras en ecosistemas naturales es un tema que ha preocupado a muchos, pero que en pocas ocasiones se ha tomado en serio como un tema complejo (Campbell y Long, 2009). En distintas zonas de Estados Unidos, Australia y Las Galápagos, la utilización de métodos de control físicos (caza y captura) y químicos (intoxicación), sin conocimiento de la situación local, parámetros propios (ej. densidad, área de distribución) y estructura social de la población introducida, se ha asociado a proyectos largos, costosos y con resultados limitados (Cowled *et al.*, 2006; Campbell y Long, 2009; Hanson *et al.*, 2009). La eliminación de sólo una parte de la población ha dado lugar a rápidas recolonizaciones y pérdida importante de tiempo y recursos (Myers *et al.*, 2004; Cruz *et al.*, 2005; Gleeson *et al.*, 2006). Isla Santiago, por ejemplo, estuvo impactada por cerdos asilvestrados durante 15 décadas, cuyo proceso de eliminación tardó más de 30 años, en parte, gracias al escaso conocimiento que se tenía de la población (Cruz *et al.*, 2005).

Aún tras largos procesos de control, actualmente los cerdos asilvestrados invaden más de 40 estados norteamericanos, alrededor del 40% del territorio de Australia y trs de las islas más grandes del archipiélago Las Galápagos (Clobentz y Baber, 1987; Hone, 1990; Cruz *et al.*, 2005). Poco se sabe respecto de la situación en Latinoamérica de ésta, una de las especies más dañinas para los ecosistemas del mundo (ejemplo Merino y Carpinetti, 2003). El uso de tecnologías innovadoras, como el análisis geográfico (Lavoie *et al.*, 2007) y genético (DeYoung, 2007), en conjunto con la intervención de la comunidad local se postulan como

herramientas exitosas para conducir los planes de investigación y gestión de esta invasora (Hampton *et al.*, 2004b; Campbell y Long, 2009).

Herramientas moleculares

El elevado polimorfismo que presentan algunos marcadores moleculares y la posibilidad de detectarlos mediante procedimientos de laboratorio, los hace muy útiles para la identificación individual y grupal de animales asilvestrados (Vignal *et al.*, 2002). Básicamente, los marcadores moleculares corresponden a aquellas moléculas (ADN o proteína) que se comportan como una marca o huella para los análisis genómicos. A partir de 1970s, mediante el análisis de aloenzimas, se da comienzo a las primeras investigaciones basadas en el uso de marcadores moleculares (Pérez, 1998). Posteriormente, con el desarrollo de nuevas herramientas basadas en el estudio del ADN mitocondrial y nuclear, prospera la investigación genética, revolucionando el estudio de poblaciones animales (MacHugh *et al.*, 1997; Hedrick, 1999; Nikica *et al.*, 2006). El análisis de marcadores de ADN mitocondrial y microsatélites polimórficos han sido los más utilizados para describir la constitución genética de individuos y especies porcinas, y su potencial de transmisión de alelos de una generación a la siguiente (Alexander *et al.*, 1996; Okumura *et al.*, 1996; Li *et al.*, 2000; Kim *et al.*, 2002; Lowden *et al.*, 2002; Alves *et al.*, 2003; Larson *et al.*, 2005; Grossi *et al.*, 2006; Wu *et al.*, 2007; Tanaka *et al.*, 2008).

El ADN mitocondrial (ADNmt) corresponde al material genético circular propio de las mitocondrias, polimórfico, con copias múltiples en el genoma de los mamíferos y se hereda casi exclusivamente por vía materna, sin el efecto de la recombinación genética (Birky, 1995; Brooker, 1999; Alves *et al.*, 2003). Cada célula eucariota posee entre 3.000 y 5.000 copias del genoma mitocondrial, lo cual favorece su conservación y recuperación (García *et al.*, 2004). Posee pocas regiones no codificantes, intergénicas o repetitivas, a excepción de la “región control”, comúnmente llamada D-loop en los vertebrados (Harrison, 1989; Lunt *et al.*, 1998). Se estima que la región control contiene los sitios de iniciación de la replicación y transcripción (Clayton, 1992). En el estudio de poblaciones suínas, se ha utilizado con éxito principalmente la secuenciación de la región control D-loop, por ser una región más variable en secuencia que otras regiones del ADN mitocondrial, de rápida evolución y que no está

sujeta a una gran presión selectiva (Grossi *et al.*, 2006; Wu *et al.*, 2007; Tanaka *et al.*, 2008). Esto aumenta la probabilidad de encontrar diferencias al comparar individuos (Montiel *et al.*, 2001). Su mayor tasa de mutación (10 veces superior al promedio del DNA nuclear) permite observar diferencias incluso entre poblaciones estrechamente emparentadas (Izaguirre, 1998; Elson *et al.*, 2001). Su polimorfismo permite investigar el origen genético de las poblaciones de animales (Larson *et al.*, 2005; Allendorf y Luikart, 2007; Luetkemeier *et al.*, 2010). La posibilidad de discriminar los linajes maternos permite identificar diferencias evolutivas entre individuos, o bien, procesos poblacionales como cuellos de botella o efecto fundador (Awise, 1994; Lodish *et al.*, 1995). Esto aporta una visión histórica, incluso con variabilidad genética limitada (Sunnucks, 2000; Alves *et al.*, 2003).

Respecto del análisis de ADN nuclear, el estudio del polimorfismo de las repeticiones de secuencias nucleares simples (SSRs) o marcadores microsatélites, ha sido ampliamente utilizado en el desarrollo de la genética de la conservación, ciencias forenses y caracterización de poblaciones animales, ya que permite hacer identificaciones individuales, determinar relaciones de parentesco, variabilidad y distancia genética entre individuos, poblaciones y especies (Marshall *et al.*, 1998; Ellegren, 2000; Sunnucks, 2000; Odak *et al.*, 2002). El análisis de SSRs, involucra la detección de fragmentos específicos de ADN nuclear, de 2 a 6 pares de bases (pb), generalmente dinucleótidos simples, que se repiten en tándem en el genoma de los seres vivos (Montaldo y Meza-Herrera, 1998; Brooker 1999). Estos marcadores autosómicos son comunes en organismos eucariotas, son abundantes, están uniformemente distribuidos en el genoma, se encuentran generalmente en secuencias no codificantes, son muy polimórficos respecto del número de unidades de repetición en tándem, lo que permite diferenciar un individuo de otro, son codominantes, por lo tanto se pueden identificar individuos homo y heterocigotos, y se pueden detectar mediante técnicas de PCR simple con partidores diseñados a partir de las regiones adyacentes a la zona de repetición (Hansen *et al.*, 2001; Vignal *et al.*, 2002). Varios loci microsatélites polimórficos han sido seleccionados sobre la base de su polimorfismo en *Sus scrofa* y se han recomendado para la caracterización de razas y especies porcinas (Alexander *et al.*, 1996; Li *et al.*, 2000; Lowden *et al.*, 2002). Hampton *et al.* (2004a), Spencer *et al.* (2005) y Cowled *et al.* (2006, 2008), en base a sus investigaciones, los recomiendan como herramientas fundamentales para generar planes de control basados en

evidencias genéticas. Sin embargo, el proceso de genotipificación con secuenciador automático por ejemplo, en un comienzo necesita una reacción en cadena de la polimerasa (PCR) en la que se incorpore al menos un cebador con una etiqueta teñida con fluorescencia que sea compatible con el sistema de reconocimiento laser del secuenciador, para que de ese modo el tamaño de los oligos pueda ser medido. Esto tiene tal costo económico, que puede limitar las posibilidades de un investigador (Oetting *et al.*, 1995).

Una alternativa más económica implica utilizar un cebador específico marcado con una secuencia de M13 universal (derivada de un vector bacterial) previamente teñida, lo que permitirá su reconocimiento por el secuenciador automático y consecuente genotipado, con alta precisión en el tamaño de los alelos (Steffens *et al.*, 1993; Rodrigues *et al.*, 2009). Para montar esta técnica se necesitan tres primers: i) una secuencia específica de cebador “forward” que contenga M13 (-21) en su extremo 5', ii) un cebador “reverse” con la secuencia específica, y iii) un marcador fluorescente universal marcado con el cebador M13 (-21) (Schuelke, 2000). El cebador de microsatélites “forward” debe contener una secuencia complementaria a la cola M13 en la región 5', permitiendo el proceso de “annealing” del cebador M13 marcado con fluorescencia en los productos de PCR generados en cada ciclo de termociclado (Rodrigues *et al.*, 2009). Como resultado, este método confiere fluorescencia a los oligonucleótidos generados en la PCR, factibles de ser leídos por un secuenciador automático (Steffens *et al.*, 1993; Schuelke, 2000).

Referencias

- Alexander L, Rohrer G y Beattie C (1996) Cloning and characterisation of 414 polymorphic porcine microsatellites. *Animal Genetics* 27:137–148
- Allendorf F y Luikart G (2007) Conservation and the genetics of populations. Blackwell publishing, Oxford. UK. 642pp
- Alves E, Óvilo C, Rodríguez MC y Silió L (2003) Mitochondrial DNA sequence variation and phylogenetic relationships among Iberian pigs and other domestic and wild pig populations. *Animal Genetics* 34: 319–324
- Anderson C, Martínez–Pastur G, Lencinas M, Wallem P y Moorma M (2008) Implicancias de restauración de la remoción del castor en el archipiélago austral de Chile y Argentina. En: Silva CA y B Saavedra. Actas del Taller Internacional para el Control de Castores en la Patagonia. Edición digital Wildlife Conservation Society. pp 24–62
- Aravena P y Skewes O (2007) European wild boar purebred and *Sus scrofa* intercrosses. Discrimination proposals. A review. *Agro–ciencia* 23(3): 133–147
- Archibald JD (2003) Timing and biogeography of the eutherian radiation: Fossils and molecules compared. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 28: 350–359
- Avise J (1994) Molecular Markers, Natural History and Evolution. Chapman & Hall, New York. 511 pp
- Baker SJ (1986) Irresponsible introductions and reintroductions of animals into Europe with particular reference to Britain. *International Zoo Yearbook* 24: 200–205
- Barros Arana D (1865) Compendio de Historia de América. Partes I y II. Imprenta del Ferrocarril, Santiago, Chile. 410pp
- Benecke (1993) The Exploitation of *Sus scrofa* (Linné 1758) on the Crimean Peninsula and in Southern Scandinavia in the Early and Middle Holocene: Two Regions. Two Strategies. En: Exploitation des Animaux Sauvages a Travers le Temps 233–45. Juan–les–Poins
- Benítez OW y Sánchez DM (2001) Los cerdos criollos en América Latina. En: FAO (ed.) Los cerdos locales en los sistemas tradicionales de producción. *Estudio FAO Producción y Sanidad Animal* 13: 35
- Birky C (1995) Uniparental inheritance of mitochondrial and chloroplast genes: Mechanisms and evolution. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 92: 11331–11338
- Brisbin IL, Geiger Jr RA, Graves HB, Pinder JE III, Sweeney JM y Sweeney JR (1977) Morphological characterizations of two populations of feral swine. *Acta Theriologica* 22: 75–85
- Brooker R (1999) Genetics. Analysis and Principes. Benjamin Cunmmings. California. Buck. 761 pp
- Caley P y Hone J (2004) Disease transmission between and within species, and the implications for disease control. *Journal of Applied Ecology* 41: 94–104
- Campbell T y Long D (2009) Feral swine damage and damage management in forest ecosystem. *Forest Ecology and Management* 257: 2319–2326
- Chen K, Baxter T, Muir WM, Groenen MA y Schook LB (2007) Genetic Resources, Genome Mapping and Evolutionary Genomics of the Pig (*Sus scrofa*). *International Journal of Biological Sciences* 3(3):153–165

- Choquenot D, McIlroy J y Korn T (1996) Managing vertebrate pests: feral pigs. Bureau of Resource Sciences, Canberra, Australian Publishing Service, Canberra, Australian Capital Territory, Australia
- Clayton D (1992) Transcription and replication of animal mitochondrial DNAs. *International Review of Cytology* 141: 217–232
- Coblentz B y Baber D (1987) Biology and control of feral pigs on isla Santiago, Galapagos, Ecuador. *Journal of Applied Ecology* 24: 403–418
- Cowled BD, Aldenhoven J, Odeh IOA, Garrett T, Moran C y Lapidge SJ (2008) Feral pig population structuring in the rangelands of eastern Australia: applications for designing adaptive management units. *Conservation Genetics* 9: 211–224
- Cowled BD, Lapidge SJ, Hampton JO y Spencer PBS (2006) Measuring the demographic and genetic effects of pest control in a highly persecuted feral pig population. *Journal of Wildlife Management* 70: 1690–1697
- Crosby AW (1986) Ecological Imperialism: the biological expansion of Europe, 900–1900. Cambridge University Press, New York, 368 pp
- Cruz F, Donlan CJ, Campbell K y Carrion V (2005) Conservation action in the Galápagos: Feral pig (*Sus scrofa*) eradication from Santiago Island. *Biological Conservation* 121: 473–478
- Cuadra PL (1866) Apuntes sobre jeografía, física i política de Chile. Parte 1. Imprenta Nacional, Santiago, Chile. 276pp
- Cushman J, Tierney T y Hinds J (2004) Variable effects of feral pig disturbances on native and exotic plants in a California grassland. *Ecological Applications* 14: 1746–1756
- De Young RW (2007) Genetics and applied management: using genetic methods to solve emerging wildlife management problems. En: *Frontiers in Wildlife Science: Linking Theory and Management Application* (eds Fulbright TE, Hewitt DG), 315–334 pp. CRC Press, Boca Raton, FL
- Diong CH (1982) Population biology and management of the feral pig (*Sus scrofa* L.) in Kipahulu Valley, Maui. PhD dissertation. University of Hawaii, Honolulu, Hawaii. 408 pp
- Ditchkoff S y West B (2007) Ecology and management of feral hogs. *Human–Wildlife Conflicts* 1: 149–157
- Dobney K, Ervynck A y Rowley–Conway P (2007). Pigs and humans: 10,000 years of interaction. U. Albarella (Ed.). Oxford: Oxford University Press
- Donkin RA (1985) The peccary: with observation on the introduction of pigs to the New World. American Philosophical Society, Philadelphia, Pennsylvania, 154pp
- Ellegren H (2000) Microsatellite mutations in the germline: implications for evolutionary inference. *Trends in Genetics* 16(12): 551–558
- Elson J, Andrews R, Chinnery P, Lightowlers R, Turnbull D y Howell N (2001) Analysis of European mtDNAs for recombination. *The American Journal of Human Genetics* 68: 145–53
- Epstein J y Bichard M (1984) Pig. En: Mason I.L, editor. Evolution of domesticated animals. Longman; London & New York: 1984. pp. 145–162
- Ervynck A, Dobney K, Hongo H y Meadow R (2001) Born Free? New Evidence for the Status of "*Sus scrofa*" at Neolithic Çayönü Tepesi (Southeastern Anatolia, Turkey). *Paléorient*: 47–73

- Fenwick S, Duignan P, Nicol C, Leyland M y Hunter J (2004) A Comparison of Salmonella Serotypes Isolated from New Zealand Sea Lions and Feral Pigs on the Auckland Islands by Pulsed-field Gel Electrophoresis. *Journal of wildlife diseases* 40(3): 566–570
- García C, Montiel R y Malgosa A (2004) Análisis de haplogrupos de DNAm en restos dentales del Neolítico y Bronce Catalán. *Revista Española de Antropología Física* 24: 109–122
- Gay C (1847) Historia física y política de Chile. Zoología. Tomo 1. Vol. 19. Maulde and Renou, París. 502pp
- Giuffra E, Kijas JM, Amarger V, Carlborg O, Jeon JT y Andersson L (2000) The origin of the domestic pig: independent domestication and subsequent introgression. *Genetics* 154: 1785–1791
- Gleeson D, Harman H y Armstrong T (2006) Genetics of Invasive Species in New Zealand. En: Allen R. y W. Lee (eds.). Biological Invasions in New Zealand. Springer-Verlag, Berlin Heidelberg. *Ecological Studies* 186: 103–118
- Grossi SF, Lui JF, García JE y Meirelles FV (2006) Genetic diversity in wild (*Sus scrofa*) and domestic (*Sus scrofa domestica*) pigs and their hybrids based on polymorphism of a fragment of the D-loop region in the mitochondrial DNA. *Genetics and Molecular Research* 5(4): 564–568
- Groves CP (1981) Systematic relationships in the Bovini (Artiodactyla, Bovidae). *Zeitschrift Fur Zoologische Systematik Und Evolutionsforschung* 19: 264–278
- Hampton J, Spencer P, Elliot A y Thompson R (2006) Prevalence of Zoonotic Pathogens from Feral Pigs in Major Public Drinking Water Catchments in Western Australia. *EcoHealth* 3(2): 103–108
- Hansen M, Ruzzante D, Nielsen E y Mansberg K (2001) Brown trout (*Salmo trutta*) stocking impact assessment using microsatellite DNA markers. *Ecological Applications* 11(1): 148–160
- Hanson L, Mitchell M, Grand J, Jolley B, Sparklin B y Ditchkoff S (2009) Effect of experimental manipulation on survival and recruitment of feral pigs. *Wildlife Resources* 36: 185–191
- Harrison R (1989) Animal mtDNA as a genetic marker in population and evolutionary biology. *Trends in Ecology & Evolution* 4: 6–11
- Hedrick P (1999) Perspective: highly variable loci and their interpretation in evolution and conservation. *Evolution* 53: 313–318
- Helgen KM (2003) Major mammalian clades: a review under consideration of molecular and palaeontological evidence. *Mammalian Biology—Zeitschrift für Säugetierkunde* 68(1): 1–15
- Holden PJ y Ensminger ME (2006) Swine science. Pearson College Division
- Hone J (1990) How many feral pigs in Australia? *Australian Wildlife Research* 17: 571–572
- Izagirre N (1998) Aplicación de la biología molecular en el estudio antropológico de las poblaciones humanas del pasado: Análisis del ADN mitocondrial. Tesis doctoral, Universidad del País Vasco. Bilbao
- Kijas JMH y Andersson L (2001) A phylogenetic study of the origin of the domestic pig estimated from the near complete mtDNA genome. *Journal of Molecular Evolution* 52: 302–308
- Kim K, Lee J, Li K, Zhang Y, Gongora J y Moran C (2002) Phylogenetic relationships of Asian and European pig breeds determined by mitochondrial D-loop sequence polymorphism. *Animal Genetics* 33: 19–25

- Larson G, Dobney K, Albarella U, Fang MY, Matisoo-Smith E, Robins J, Lowden S, Finlayson H, Brand T, Willerslev E, Rowley-Conwy P, Andersson L y Cooper A (2005) Worldwide phylogeography of wild boar reveals multiple centers of pig domestication. *Science* 307: 1618–1621
- Latcham RE (1992) Los animales domésticos de la América pre-Colombiana [The Domestic Animals of Pre-Columbian America] Museo de Etnología e Antropología Publicación 3(1): 1–199
- Lavoie C, Donlan CJ, Campbell K, Cruz F y Carrion GV (2007) Geographic tools for eradication programs of insular non-native mammals. *Biological Invasions* 9(2): 139–148
- Li K, Chen Y, Moran C, Fan B, Zhao S y Peng Z (2000) Analysis of diversity and genetic relationships between four Chinese indigenous pig breeds and one Australian. *Animal Genetics* 31: 322–325
- Li W, She R, Liu L, You H y Yin J (2010) Prevalence of a virus similar to human hepatitis B virus in swine. *Virology Journal* 7(1):60
- Linares-Ibáñez JA, Sciutto-Conde E, Trujillo Ortega ME, Pérez-Rivero JJ y Martínez-Maya JJ (2011) Estructura etaria, comportamiento productivo y reproductivo de una población de cerdos criados en semiconfinamiento, en una comunidad rural del estado de Morelos, México. *Veterinaria México* 42(4): 259–267
- Lodish H, Baltimore D, Berk A, Zipursky S, Matsudaira P y Darnell J (1995) *Molecular Cell Biology*. Scientific American Books, New York. 545 pp
- Lowden S, Finlayson H, Macdonald A, Downing A, Goodman S, Leus K, Kasper L, Wahyuni E y Archibald A (2002) Application of *Sus scrofa* microsatellite markers to wild suiformes. *Conservation Genetics* 3: 347–350
- Lowe S, Browne M, Boudjelas S y De Poorter M (2000) 100 of the World's Worst Invasive Alien Species A selection from the Global Invasive Species Database. Published by The Invasive Species Specialist Group (ISSG) a specialist group of the Species Survival Commission (SSC) of the World Conservation Union (IUCN), 12pp
- Luetkemeier E, Sodhi M, Schook L y Malh R (2009) Multiple Asian pig origins revealed through genomic analyses. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 54(3): 680–686
- Lunt D, Whipple L y Hyman B (1998) Mitochondrial DNA variable number tandem repeats (VNTRs): utility and problems in molecular ecology. *Molecular Ecology* 7: 1441–1455
- MacHugh D, Shriver M, Loftus R, Cunningham P y Bradle D (1997) Microsatellite DNA Variation and the Evolution, Domestication and Phylogeography of Taurine and Zebu Cattle (*Bos taurus* and *Bos indicus*). *Genetics* 146: 1071–1086
- Mariante AS y Cavalacante N (2000) Animais do Descobrimento: Raças domésticas da história do Brasil. Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. 1ª Ed. Brasília – DF. 2000
- Marshall T, Slate J, Kruuk L y Pemberton J (1998) Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations. *Molecular Ecology* 7(5): 639–655
- Mauget R (1991) Reproductive biology of the wild Suidae. Pp. 49–64, En: *Biology of Suidae* (RH Barrett y E Spitz, eds.). Reulire AGECO, Grenoble, France, 170 pp
- Merino M y Carpinetti B (2003) Feral Pig *Sus Scrofa* Population Estimates En: Bahía Samborombón. Conservation Area, Buenos Aires Province, Argentina. *Mastozoología Neotropical /Journal of Neotropical Mammalogy* 10(2): 269–275

- Mittermeier R, Mittermeier C, Robles-Gil P, Pilgrim J, Fonseca G, Brooks K y Konstant J (2002) Wilderness: Earth's last wild places. Conservation International, Washington, District of Columbia, USA. 573 pp
- Montaldo H y Meza-Herrera C (1998) Use of molecular markers and major genes in the genetic improvement of livestock. *Electronic Journal of Biotechnology* 1(2): 83–89
- Montiel R, Malgosa A y Francalacci P (2001) Authenticating ancient human mitochondrial DNA. *Human Biology* 73 (5): 689–713
- Myers J, Denothy M y Shaben J (2004) Invasive Plants: Their impacts and Control in changing environments. En: Hooper, T.H. (ed.). Proceedings of the Species at risk 2004 Pathways to recovery conference. Victoria, B.C. Canada
- Nikica Š, Roman S, Tea T, Marina P, Tomislav T y Ivica A (2006) The use of molecular methods on Wild Boars (*Sus scrofa* L.). *Journal of Central European Agriculture* 7(1): 117–120
- Odak T, Treer T, Aničić I, Safner R y Piria M (2002) The use of molecular methods in fisheries. *Ribarstvo* 60: 116–126
- Oetting WS, HK Lee, DJ Flanders, GL Wiesner, TA Sellers, RA King (1995) Linkage analysis with multiplexed short tandem repeat polymorphisms using infrared fluorescens and M13 tailed primers. *Genomics* 30: 450–458
- Okumura N, Ishiguro N, Nakano M, Hirai K, Matsui A y Sahara M (1996) Geographic population structure and sequence divergence in the mitochondrial DNA control region of the Japanese wild boar (*Sus scrofa leucomystax*), with reference to those of domestic pigs. *Biochemical Genetics* 34: 179–189
- O'Leary MA y Gatesy J (2008). Impact of increased character sampling on the phylogeny of Cetartiodactyla (Mammalia): combined analysis including fossils. *Cladistics* 24(4): 397–442
- Paes RCS, Fonseca AA Jr, Monteiro LARC, Jardim GC, Piovezan U, Herrera HM, Mauro RA y Vieira-da-Motta O (2013) Serological and molecular investigation of the prevalence of Aujeszky's disease in feral swine (*Sus scrofa*) in the subregions of the Pantanal wetland, Brazil. *Veterinary microbiology* 165(3): 448–454
- Pérez Carusi LC, Beade MS, Miñarro Vila FAR., Gimenez-Dixon M y Bilenca DN (2009) Relaciones espaciales y numéricas entre venados de las pampas (*Ozotoceros bezoarticus celer*) y chanchos cimarrones (*Sus scrofa*) en el Refugio de Vida Silvestre Bahía Samborombón, Argentina. *Ecología Austral* 19: 63–71
- Pérez T, Albornoz J y Domínguez A (1998) An evaluation of rapid fragment reproducibility and nature. *Molecular Ecology* 7(10): 1347–1357
- Pérez-Rosales V (1859) Ensayo sobre Chile. Imprenta del Ferrocarril, Santiago, Chile. pp 518
- Pickford M, Senut B y Hadoto DPM (1993) Geology and Palaeobiology of the Albertine Rift Valley, Uganda-Zaire: Geology CIFEG. Vol. 1
- Revidatti MA (2009) Caracterización de cerdos criollos del Nordeste Argentino. Universidad de Córdoba, España
- Rodrigues P, Campos T, Cardoso JMK, Sforça DA, Baroni RM, Souza AP y Benchimol LL (2009) Adaptation of fluorescent technique for genotyping with new microsatellite markers in common bean. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 44: 638–644
- Rothschild MF y Ruvinsky A (Eds.) (2011) The genetics of the pig. CABI
- Saavedra B (2006) Karukinka, nuevo modelo para la conservación de biodiversidad. Iniciativas de Conservación. *Revista Ambiente y Desarrollo* 22(1):21–27

- Schuelke M (2000) An economic method for the fluorescent labeling of PCR fragments. *Nature Biotechnology* 18: 233–234
- Schuttler E y Karez C (2008) Especies exóticas invasoras en las Reservas de Biosfera de América Latina y el Caribe. Un informe técnico para fomentar el intercambio de experiencias entre las Reservas de Biosfera y promover el manejo efectivo de las invasiones biológicas. Montevideo
- Silva CA y Saavedra B (2008) Knowing for controlling: ecological effects of invasive vertebrates in Tierra del Fuego. *Revista Chilena de Historia Natural* 81:123–136
- Simberloff D (2000) Global climate change and introduced species in United States forests. *Science of the total environment* 262(3): 253–261
- Spencer PB, Lapidge SJ, Hampton JO y Pluske JR (2005) The sociogenetic structure of a controlled feral pig population. *Wildlife Resources* 32: 297–304
- Steffens DL, Sutter SL y Roemer SC (1993) An alternate universal forward primer for improved automated DNA sequencing of M13. *BioTechniques* 15: 580–582
- Sunnucks P (2000) Efficient genetic markers for population biology. *Trends in Ecology & Evolution* 15(5): 199–203
- Tanaka K, Iwaki Y, Takizawa T, Dorji T, Tshering G, Kurosawa Y, Maeda Y, Mannen K, Nomura V, Dang L, Chhum-phith B, Bouahom Y, Yamamoto T, Daing T y Namikawa H (2008) Mitochondrial diversity of native pigs in the mainland South and South-east Asian countries and its relationships between local Wild Boars. *Animal Science Journal* 79: 417–434
- Tershy BR, Donlan DJ, Keitt BS, Croll DA, Sánchez JA, Wood B, Hermosillo MA, Howald GR y Biavaschi N (2002) Island conservation in north-west Mexico: a conservation model integrating research, education and exotic mammal eradication. En: Veitch CR, Clout MN (eds) Turning the tide: the eradication of invasive species. World Conservation Union, Gland, 293–300 pp
- Torchin M, Lafferty K, Dobson A, McKensie V y Kuris A (2003) Introduced species and their missing parasites. *Nature* 421: 628–630
- Vieira YR, Vieira AA, Ciacci-Zanella JR, Barquero G, Lago BV, Gomes SA, Silva, MFM, Santos DRL, Pinto MA y de Paula VS (2012) Serological and molecular evidence of hepatitis b virus infection in swine from Brazil. *Veterinary Virology* 17(Suppl 1): 402–403
- Vignal A, Milan D, SanCristobal M y Eggen A (2002) A review of SNP and other types of molecular markers and their use in animal genetics. *Genetics Selection Evolution* 34: 275–305
- Waddell PJ, Okada N y Hasegawa M (1999) Towards resolving the interordinal relationships of placental mammals. *Systematic Biology* 1–5
- Wallem P, Jones C, Marquet P y Jaksic F (2007) Identificación de los mecanismos subyacentes a la invasión de *Castor canadensis* (Rodentia) en el archipiélago de Tierra del Fuego, Chile. *Revista Chilena de Historia Natural* 80: 309–325
- Witmer G, Sanders R y Taft A (2003) Feral swine are they a disease threat to livestock in the United States? *Proceedings of the Wildlife Damage Management Conference* 10: 316–325
- Wu GS, Yao YG, Qu KX, Ding ZL, Li H, Palanichamy MG, Duan ZY, Li N, Chen YS y Zhang YP (2007) Population phylogenomic analysis of mitochondrial DNA in wild

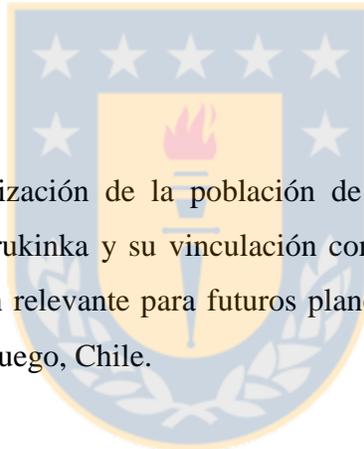
boars and domestic pigs revealed multiple domestication events in East Asia. *Genome Biology* 8: R



Hipótesis 1 : El análisis molecular complementado con datos históricos, ambientales y demográficos permite caracterizar la estructura, tamaño y diversidad de la población de cerdos asilvestrados del Parque Natural Karukinka.

Hipótesis 2 : La población de cerdos asilvestrados del Parque Natural Karukinka, recibe aportes a su variabilidad genética de cerdos domésticos de crianza local.

Hipótesis 3 : La caracterización de la población de cerdos asilvestrados de Parque Natural Karukinka y su vinculación con poblaciones domésticas, aporta información relevante para futuros planes de control de esta invasora en Tierra del Fuego, Chile.



Objetivo general

Caracterizar la población de cerdos asilvestrados del Parque Natural Karukinka e indagar en la posible vinculación reproductiva con cerdos domésticos de crianza local, mediante análisis molecular, complementado con datos históricos, ambientales y biológicos.

Objetivos parciales

- Obj. 1 : Inferir el origen filogenético de los cerdos asilvestrados del Parque Natural Karukinka.
- Obj. 2 : Explorar la relación genética entre cerdos asilvestrados y cerdos domésticos de crianza local.
- Obj. 3 : Analizar la diversidad genética, estructura poblacional y social de los cerdos asilvestrados de Isla Tierra del Fuego
- Obj. 4 : Explorar la distribución, dispersión y preferencias de hábitat de los cerdos asilvestrados en el sur de Tierra del Fuego, Chile.
- Obj. 5 : Identificar barreras geográficas a la migración dentro y fuera del Parque Natural Karukinka.
- Obj. 6 : Reconocer las características biológicas, reproductivas, ecología trófica y estado sanitario general de la población Timaukel de Tierra del Fuego.
- Obj. 7 : Advertir las principales consideraciones que se deben tener en la gestión de los cerdos asilvestrados de Isla Tierra del Fuego.



Parte II

Cerdos asilvestrados en Tierra del Fuego, Chile

CAPÍTULO 1

Origen filogenético de los cerdos asilvestrados del Parque Natural Karukinka y su relación con cerdos de crianza local

Resumen

El control o erradicación de especies exóticas es un reto que enfrenta la conservación de la biodiversidad y de los ecosistemas en el mundo. Alrededor del 1900, algunos cerdos domésticos (*Sus scrofa domestica*) fueron liberados y posteriormente se asilvestraron en los bosques del sur de Isla Tierra del Fuego chilena. Actualmente, se distribuyen en parte del Parque Natural Karukinka, un área de interés para la conservación. Con el fin de proporcionar información para el control de esta especie invasora, se analizó la variación genética en la región control del ADN mitocondrial (*D-loop*) para determinar el origen de filogenético de los cerdos asilvestrados y su relación con los cerdos de crianza local. Se analizaron las secuencias *D-loop* de 42 cerdos asilvestrados y de diez cerdos domésticos criados localmente, y se compararon con las secuencias de referencia de cerdos asilvestrados y razas comerciales de otros países. Mediante esta investigación determinamos que los cerdos asilvestrados de TDF chilena son de origen europeo, muy probablemente a partir de dos eventos separados de introducción. El haplotipo encontrado en la zona de Timaukel también fue identificado en cerdos domésticos de una granja local, no obstante, mediante el análisis de 12 microsatélites nucleares se probó que no existe una relación directa reciente entre ellos.

Palabras clave: Tierra del Fuego; cerdos asilvestrados; región control de ADN mitocondrial; especies invasoras; *Sus scrofa*

1.1 Introducción

Investigadores coinciden en que *Sus scrofa* fue domesticado en diferentes lugares de Europa y Asia, y posteriormente introducido en islas oceánicas y en todos los continentes, excepto la Antártica (Giuffra *et al.* 2000; Fang y Anderson, 2006; Tanaka *et al.*, 2008; Larson *et al.* 2010). En los primeros tiempos de la colonización española y portuguesa de América del Sur, varias especies animales y vegetales fueron introducidas intencionalmente, incluyendo el cerdo doméstico (*Sus scrofa domestica*), el cuál prosperó exitosamente, transformándose en un impacto negativo para los ecosistemas (Mittermeier *et al.*, 2002; Simberloff *et al.*, 2003). El éxito del cerdo doméstico como ayuda alimentaria para navegantes y pobladores locales derivó en la introducción de algunos ejemplares en zonas silvestres situadas en el extremo sur del continente (Pérez-Rosales, 1859; Cuadra, 1866). En 1773, durante su segundo viaje por el Pacífico, el capitán Cook liberó cerdos en algunas islas de Nueva Zelanda, para luego navegar hasta el sur de Tierra del Fuego (TDF) llevando consigo algunos cerdos, donde permanecieron tres días (Kippis, 1795; Lacroix, 1841). A pesar que la liberación de cerdos en esta zona no fue documentada sino hasta 1923 (Fuentes, 1923), la opción de que Cook hubiera introducido animales en su viaje, aún permanece abierta.

La crianza comercial de cerdos asociada a estancias en TDF data de antes del siglo 19 (Vera, 1897). Posteriormente, de acuerdo a Fuentes (1923) en la primera mitad del siglo 20, algunos cerdos domésticos de origen y número no descrito, fueron introducidos desde el exterior y liberados en el ecosistema boscoso del suroeste, actualmente llamado Timaukel. Esta población silvestre aumentó de tamaño según pasaron los años, hasta que fueron reducidos en gran número mediante la caza (Skewes, 1990). Según Skewes (1990) durante los años 1970–1973, un grupo de nueve hembras gestantes, fueron liberadas y se sumaron a la población inicial. En la actualidad, alrededor de 50 a 120 kilómetros al norte de Timaukel, algunos lugareños poseen pequeños núcleos de cría de la especie (< 10 individuos) con fines de subsistencia o comercio local. Además, a 125 km en dirección este desde Timaukel, se han avistado cerdos asilvestrados de origen desconocido, en Vicuña (zona adyacente a la frontera Chileno–Argentina) en el año 1988 (Skewes, 1990) y de nuevo en 2005–07 (Reveillaud *et al.*, 2008). Timaukel y Vicuña son parte del Parque Natural Karukinka y están dominados por un

paisaje natural de bosque subantártico de *Nothofagus*, cuya biodiversidad es de interés para la conservación global (Saavedra, 2006; Silva y Saavedra, 2008). Dado el valor que el bosque nativo de TDF representa, se hace urgente implementar una estrategia de control o erradicación de esta invasora (Saavedra, 2006; Soto y Cabello, 2007).

Aunque es posible erradicar especies asilvestradas en islas, como lo han demostrado Cruz *et al.* (2005) y Ramsey *et al.* (2009), una buena estrategia de control puede verse afectada o incluso fallar si no existe información básica sobre la dinámica de la introducción, así como de la participación de la comunidad local en su mantención (Horwitz y Bar-Gal, 2006). Es decir, si la comunidad local valora los cerdos asilvestrados como fuente de alimento o caza recreativa, se pueden generar múltiples episodios de liberación y/o reintroducción humano-mediada posteriores a la erradicación (Zivin *et al.*, 2000; Weeks y Packard, 2009). El desfase temporal en la aparición de los cerdos asilvestrados en uno u otro extremo del Parque Natural Karukinka plantea preguntas respecto de la existencia de una o más fuentes de liberación y de la participación humana en los eventos de translocación. La comprensión de esta dinámica es crucial para el desarrollo de planes efectivos de gestión y estrategias de vigilancia (Choquenot *et al.*, 1996; Gongora *et al.*, 2004).

En los últimos años, los avances en el estudio filogenético del origen del cerdo doméstico, mediante el análisis de la región control hiper-variable (*D-loop*) del ADN mitocondrial (ADNmt) hacen accesibles las secuencias de líneas suínas de varias regiones del mundo, permitiendo relacionar las poblaciones introducidas con una fuente geográfica (Góngora *et al.*, 2004; Wu *et al.*, 2007; Larson *et al.*, 2010). En este capítulo (1) analizamos la cantidad y el patrón de polimorfismo de las secuencias de ADN mitocondrial para inferir la historia de la introducción de las poblaciones silvestres en un período relativamente corto de tiempo (ejemplo Góngora *et al.*, 2004; Horwitz y Bar-Gal, 2006), e (2) indagamos en la relación genética entre los individuos asilvestrados de TDF y domésticos de crianza local. Con esta información, proporcionamos un punto de referencia para comprender parte de la historia de la introducción de esta invasora en TDF y predecir la participación de la comunidad local en su sostenimiento.

1.2 Materiales y métodos

1.2.1 Área de estudio

El Parque Natural Karukinka (54°04'06"S, 68°42'57"W) se encuentra en la parte sur-occidental de la Isla Grande de Tierra del Fuego, Chile. Ubicado al oeste de los Andes Patagónicos, al sur de Bahía Inútil y al norte de Seno Almirantazgo, limitando al oeste con el océano Pacífico y con la frontera Chileno-Argentina al este. El parque, está rodeado por vastas zonas de desarrollo ganadero y cinco áreas de asentamiento humano (Cameron, Río Grande, Russfin, Cooperativa Timaukel y Pampa Guanaco), las cuales poseen una población que suma aproximadamente 107 habitantes en total (INE, 2002).

1.2.2 Muestras de tejido

Se obtuvieron muestras de 1cm³ de hígado, músculo y piel de 37 cerdos asilvestrados (20 machos, 16 hembras, 1 desconocido) de la zona suroeste de Tierra del Fuego chilena, Timaukel (53°45'35"S, 69°58'39"O), referido a partir de ahora como Timaukel. Además se analizaron cinco muestras (1 macho, 3 hembras, 1 desconocido) de los cerdos asilvestrados de la zona sureste, Vicuña (54°07'42"S, 68°40'44"O), llamado a partir de ahora Vicuña. Todos los ejemplares asilvestrados fueron obtenidos mediante caza, autorizada por la administración del Parque y de acuerdo a la ley chilena. También se analizaron muestras de músculo de diez cerdos obtenidos desde cuatro granjas locales, distantes del Parque en 55 km (Porvenir 2), 60 km (Porvenir 1), 64 km (Onaissin) y 127 km (Cerro Sombrero). Todas las muestras de cerdos domésticos fueron proporcionadas por la autoridad agrícola local (SAG, Porvenir) a partir de muertas. Todos los sitios de muestreo se presentan en la Figura 1.1.

1.2.3 Extracción de ADN, amplificación PCR y secuenciación

Se extrajo el ADN de todas las muestras de tejido utilizando DNeasy Blood and Tissue Kit (Qiagen) respetando las instrucciones del fabricante. Se amplificó un fragmento de ADN mitocondrial de la región de control (*D-loop*) mediante reacción en cadena de la polimerasa (PCR) utilizando los cebadores L-Strand 5'- CTC CGC CAT CAG CAC CCA AAG -3' y H-Strand 5'- GCA CCT TGT TTG GAT TRT CG -3' (Larson *et al.*, 2005) de unión en las

posiciones 15387 y 16108 del ADNmt del genoma de *Sus scrofa* (GenBank AJ002189; Ursing y Arnason, 1998). La prueba utilizó 25µL de mix de reacción con 10ng de ADN total, 1X buffer de NH₄ Biolase [16mM (NH₄)₂SO₄, 67mM Tris-HCl (pH 8.8)], 2.8mM MgCl₂, 0.4mM de cada dNTP, 0.4µM de cada cebador y 1U de Biolase DNA Polimerasa (Bioline). Las condiciones del termociclado fueron las siguientes: desnaturalización a 95°C durante 10min, seguido de 35 ciclos a 94°C durante 30s, 54°C por 30s y 72°C por 1 min, con una extensión final a 72°C por 7 min. Los productos de PCR fueron purificados con ISOLATE PCR and Gel Kit (Bioline) y secuenciados utilizando BigDye termination de Macrogen (en Corea del Sur).

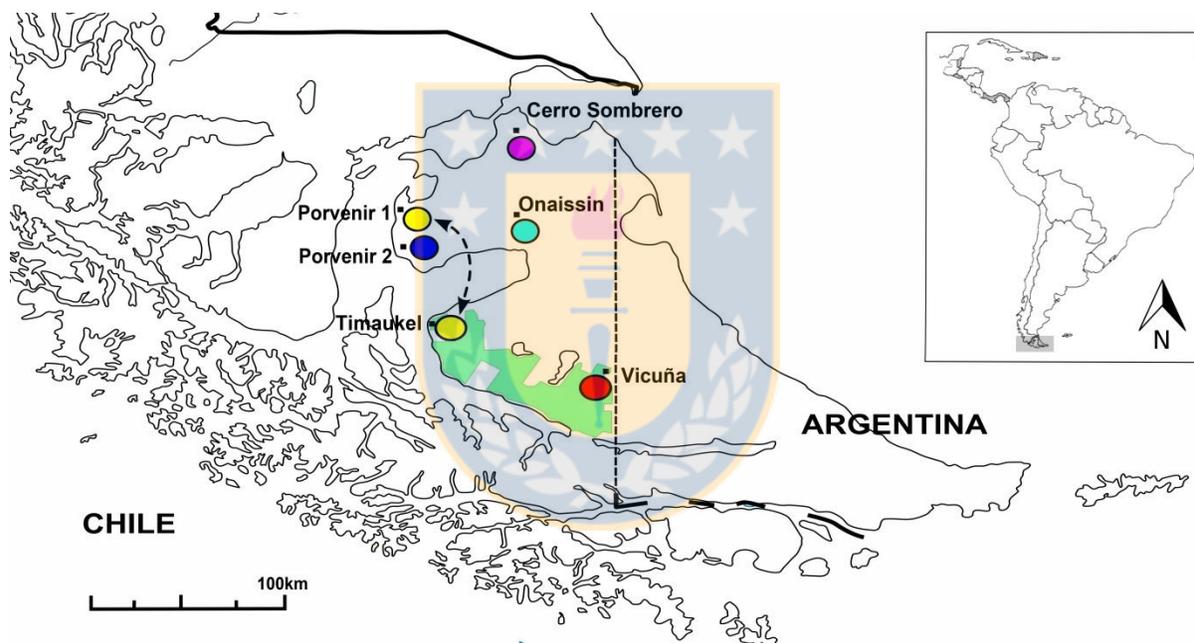


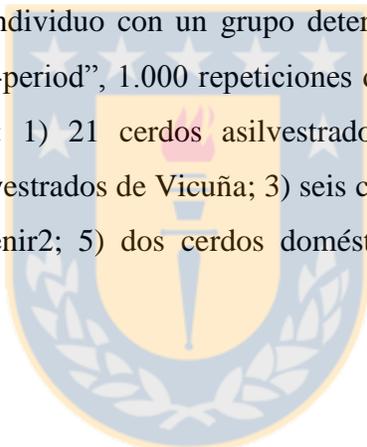
Figura 1.1 Mapa de los sitios de muestreo y distribución geográfica de los haplotipos de ADNmt encontrado en los cerdos asilvestrados y domésticos de TDF chilena. Círculo rojo representa Hap_1, amarillo Hap_2, azul Hap_3, naranja Hap_4 y verde Hap_5. La zona coloreada en verde pálido corresponde al Parque Natural Karukinka. La flecha discontinua indica los sitios de muestreo con haplotipos compartidos

1.2.4 Análisis de datos

Las secuencias obtenidas a partir de los cerdos de TDF fueron editadas con GENIOUS[®] 5.5.3 (Biomatters Ltd.) y alineadas con 34 secuencias de cerdos de origen europeo y asiático y

cinco secuencias de razas comerciales cosmopolitas utilizando el programa Clustal W (Thompson *et al.*, 2002). El detalle sobre el origen de las secuencias, incluyendo los números de acceso del Genbank, se aportan en la Tabla 1.1. Con el fin de determinar el origen filogenético de *Sus scrofa* en TDF, se construyó un árbol filogenético utilizando el método neighbor-joining y la distancia maximum likelihood con el programa MEGA 5.0 (Tamura *et al.*, 2011). La confianza estadística para cada rama se estimó con 1000 repeticiones de arranque. Para identificar las relaciones entre los haplotipos se utilizó una red de haplotipos generada con el programa HAPSTAR (Teacher y Griffiths, 2010).

Se indagó además, en la estructura genética de cerdos asilvestrados y domésticos mediante el análisis de 12 microsatélites nucleares porcinos (detalles del método en Capítulo 2). Para esto se utilizó el programa STRUCTURE 2.3 (Pritchard *et al.*, 2009) que relacionó (probabilísticamente) a cada individuo con un grupo determinado de acuerdo a su afinidad genética, con 100.000 “burnin-period”, 1.000 repeticiones de MCMC y asumiendo un K = 6 poblaciones, constituídas por: 1) 21 cerdos asilvestrados > 12 meses obtenidos desde Timaukel; 2) cinco cerdos asilvestrados de Vicuña; 3) seis cerdos domésticos de Porvenir1; 4) un cerdo doméstico de Porvenir2; 5) dos cerdos domésticos de Onaissin y 6) un cerdo doméstico de Cerro Sombrero.



1.3 Resultados

1.3.1 Análisis de secuencias

Se analizaron un total de 54 secuencias, incluyendo cerdos asilvestrados y domésticos. Sólo se encontraron cinco haplotipos propios de TDF Chile, de los cuales 22 sitios fueron variables (Tabla 1.1 y 1.2). Dos haplotipos pertenecen a la población de cerdos asilvestrados, Hap_1 en la zona de Timaukel y Hap_2 en la zona de Vicuña (Figura 1.1, Tabla 1.1). Se diferencian sólo por una transversión y una transición en los sitios de 15.558 y 15.741 respectivamente (Tabla 1.2). La secuencia Hap_1 estuvo compuesta por C: 24,92%, T: 27,48%, A: 33,07% y G: 14,54% y en el Hap_2 por C: 24,76%, T: 27,48%, A: 33,23% y G: 14,54%.

Tabla 1.1 Comparación de haplotipos de la región de control del ADN mitocondrial analizados en este estudio con aquellos obtenidos desde literatura. La proporción de haplotipos en cada uno de los sitios chilenos se indica entre paréntesis junto al nombre del haplotipo

País	Raza o distribución	Condición	HAPLOTIPOS			Ref ^a
			Clado Europeo	Clado Asiático	Nº acceso GenBank	
CHILE	SO Timaukel (TDF)	asilvestrado	*Hap_1 (39)		JQ668030	1
	SE Vicuña (TDF)	asilvestrado	†Hap_2 (5)		JQ668031	1
	Cerdos crianza local (TDF)	doméstico	*Hap_1 (6), Hap_4 (2)	‡Hap_3 (1), Hap_5 (1)	JQ668032, JQ668033, JQ668034, JQ668035	1
AUSTRALIA	Dirranbandi, Tooraweenah	asilvestrado	†Hap_2	Hap_19	AY463089, AY463085	2
CHINA	TongCheng, Yanxin, Jinghua, Putian, Wanhua, Guizhou Xiang, Liaoning Wild, Erhualian, Neijiang	doméstico		Hap_6 a Hap_10, Hap_20 a Hap_23, Hap_25	AF276923, AF276927, AF276930, AF276931, AF276932, AY486118, GQ141900, AY230818, AF276929	2,3,4,5
FRANCIA	Polinesia	doméstico	*Hap_1		DQ779372	6
PENINSULA IBÉRICA	Ibérico negro peludo, Ibérico rojo	doméstico	†Hap_2, Hap_26		AY232865, AY232861	7
INDIA	Ambikapur	doméstico		Hap_30	AY884674	8
JAPÓN	Satsuma	doméstico		Hap_15	AB015091	9,10,11
KOREA	Korea del Sur (Isla Cheju)	doméstico		Hap_11	AF276933	3
MEJICO	Yucatán	doméstico	Hap_29		AB015093	10,11,12
N ZELANDIA	Isla Auckland Kune kune	asilvestrado doméstico	*Hap_1	Hap_15	AY463079 AY463076	2
PORTUGAL	Bisaro, Alentejano	doméstico	Hap_27, Hap_28		HM747222, HM747221	13
ESPAÑA	Basque	doméstico	*Hap_1		AY232891	7
SUECIA	Linderodssvin	doméstico	Hap_13		AY884751	8
TAILANDIA	Chiang Mai (Thai Native)	doméstico		Hap_24	AM779910	14
REINO UNIDO	Welsh	doméstico	Hap_14		AF276937	8
VANUATU	Tanna Island (Kapia)	doméstico		Hap_15	DQ994656	15
VIETNAM	Lao Cai, Moncai	doméstico	‡Hap_3	Hap_12	AB041481, DQ779440	6,11
Razas cosmopolitas						
CHINA	Meishan	doméstico		Hap_22	GQ169776	16
EUROAM	Large White, Landrace, Duroc, Pietrain	doméstico	Hap_14, Hap_16 a Hap_18		AB041496, AB041486, AB041492, AY230820	10,11,12
INGLATERRA	Hampshire	doméstico	*Hap_1		AY884758	4

^a (1) Este estudio; (2) Gongora *et al.*, 2004; (3) Kim *et al.*, 2002; (4) Yue y Wang 2003; (5) Huang *et al.*, datos no publicados; (6) Larson *et al.*, 2007; (7) Alves *et al.*, 2003; (8) Larson *et al.*, 2005; (9) Okumura *et al.*, 1996; (10) Watanobe *et al.*, 1999; (11) Watanobe *et al.*, 2001; (12) Okumura *et al.*, 2001; (13) Alves *et al.*, 2010; (14) Charoensook *et al.*, 2011; (15) Lum *et al.*, 2006; (16) Wu *et al.*, unpublished data.

* Hap_1 haplotipo compartido, † Hap_2 haplotipo compartido, ‡ Hap_3 haplotipo compartido

estuvo presente tanto en los cerdos asilvestrados de la zona suroeste como en los cerdos domésticos de Porvenir1.

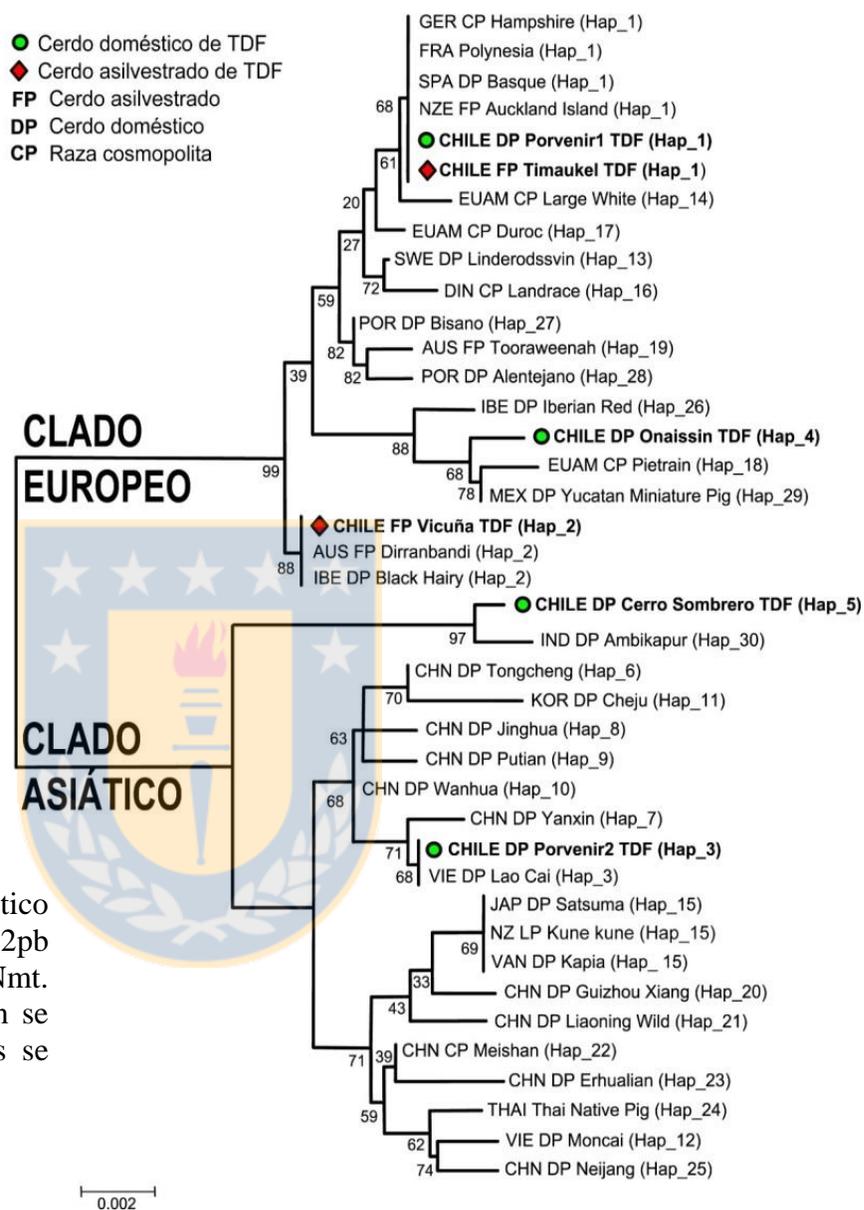


Figura 1.2 Árbol filogenético basado en la variación de 652pb de la región control del ADNmt. El nombre del país de origen se ha abreviado y el haplotipos se indica entre paréntesis

1.3.2 Análisis filogenético

El análisis filogenético, incluyendo secuencias adicionales de otros cerdos asilvestrados, domésticos y de razas cosmopolitas, reveló que las secuencias porcinas de TDF se dividen en dos subtipos altamente diferenciadas: un clado Europeo y un clado Asiático (Figura 1.2). Esta marcada diferencia también se observó al construir la red de haplotipos, con 11 eventos mutacionales que separan cada clado (Figura 1.3). Los haplotipos Hap_1, Hap_2 y Hap_4,

encontrados en cerdos asilvestrados y domésticos, pertenecen al clado Europeo, mientras que el Hap_3 y Hap_5, encontrados sólo en los cerdos domésticos de TDF pertenecen al clado Asiático. Dentro del clado Europeo, los tres haplotipos de TDF parecieron estar bien diferenciados. El haplotipo Hap_1, también se ha descrito en ejemplares de la raza Hampshire (una de las raza suinas más antiguas), cerdos de la Polinesia Francesa, cerdo Vasco Español y cerdos asilvestrados de Nueva Zelanda (Tabla 1.1). El haplotipo Hap_2 es compartido con el cerdo Negro Ibérico Peludo y el cerdo asilvestrado australiano (Tabla 1.1) y constituyen un subclado independiente, apoyado por un valor bootstrap relativamente alto 88% (Figura 1.2). El Hap_4 pertenece a un clado diferente, y muestra similitudes con las secuencias del Cerdo Miniatura de Yucatán, de la raza Pietrain y el Cerdo Rojo Ibérico (Figura 1.2).

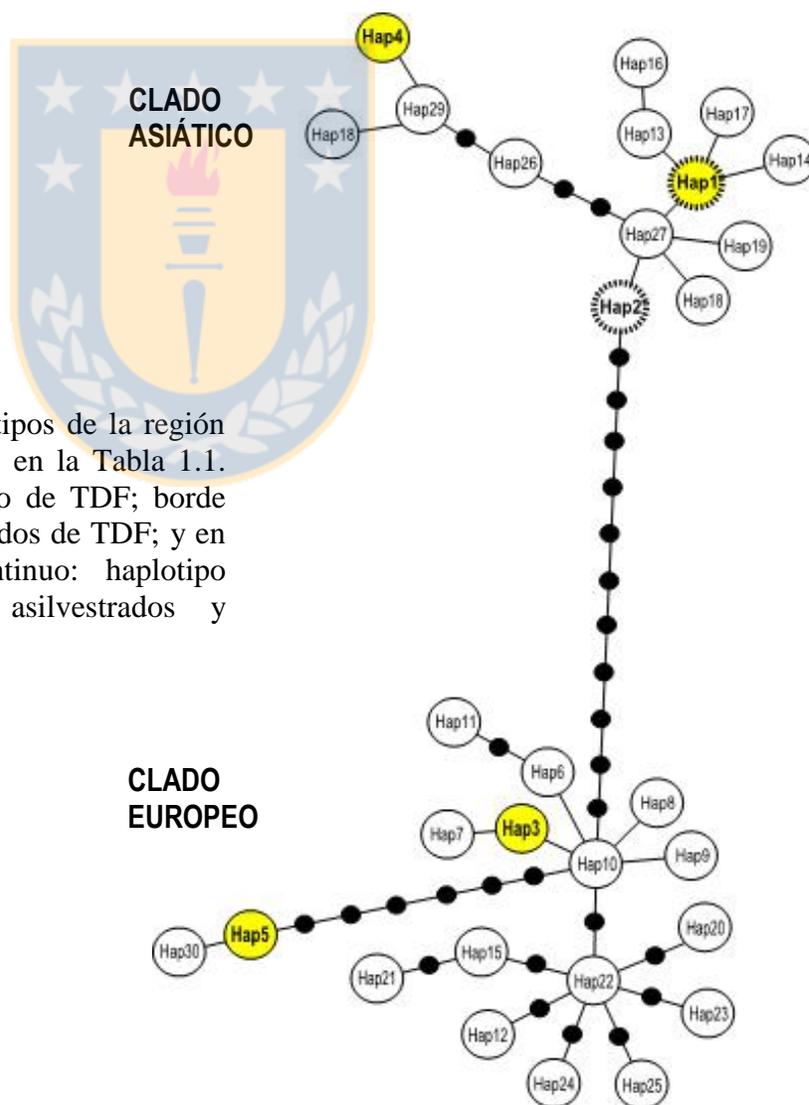


Figura 1.3 Red de 30 haplotipos de la región control del ADNmt descritos en la Tabla 1.1. En amarillo: cerdo doméstico de TDF; borde discontinuo: cerdos asilvestrados de TDF; y en amarillo con borde discontinuo: haplotipo compartido entre cerdos asilvestrados y domésticos

En cuanto al clado asiático, los haplotipos Hap_3 y Hap_5 se agruparon en diferentes subclados: El Hap_3, también se encontró en los cerdos domésticos vietnamitas (Tabla 1.1), agrupándose con una secuencia de cerdos domésticos chinos, de Yanxin (bootstrap 71%, Figura 1.2), y el Hap_5 presentó más similitud genética con el cerdo doméstico de India (bootstrap 97%, Figura 1.2). Se debe tener en cuenta que no se encontraron secuencias homólogas en la base de datos GenBank de los haplotipos Hap_4 y Hap_5 obtenidos a partir de los cerdos domésticos locales de Onaissin y Cerro Sombrero, respectivamente. A estos se han atribuido los siguientes números de acceso Genbank: Hap_4 JQ668034 y Hap_5 JQ668035.



Figura 1.4 Estimación de la estructura poblacional de los cerdos de Tierra del Fuego, mediante análisis de 12 microsatélites nucleares. Cada individuo fue representado por un color y asociado a $K = 5$ cluster, según afinidad genética. Cerdos asilvestrados: Timaukel y Vicuña. Cerdos domésticos: Porvenir1 (P1), Porvenir2 (P2), Onaissin (ON) y Cerro Sombrero (CS). Línea punteada separa ejemplares de distinto origen, asignados a un mismo cluster

La Figura 1.4 muestra el resultado del análisis de la estructura de poblaciones proporcionado por el programa STRUCTURE, donde $K = 5$ representó el número de clados que mejor explica el patrón genético de los cerdos de TDF. De modo que las seis poblaciones inferidas en este análisis quedaron finalmente distribuidas en cinco clusters o grupos, donde existe diferencia de asignación entre las poblaciones asilvestradas y domésticas. Además, se muestra al individuo de Cerro Sombrero (Hap_5 asiático) conformando un cluster diferenciado, y a los cerdos de Onaissin (Hap_4 asiático) y Porvenir 2 (Hap_3 europeo) como representantes de un mismo grupo. Por otro lado, se puede ver que los ejemplares domésticos de Porvenir1 (Hap_1 europeo) han sido claramente distinguidos de los cerdos asilvestrados de Timaukel (Hap_1 europeo) y Vicuña (Hap_2 europeo).

1.4.1 Origen de los cerdos asilvestrados de TDF

De acuerdo con nuestros resultados, los cerdos asilvestrados de TDF poseen únicamente un origen europeo, pero a partir de dos líneas diferentes que apoyan diferentes eventos de introducción, una en el ecosistema natural del suroeste y otra en el sureste, en la frontera Chile–Argentina (Fuentes, 1923; Skewes, 1990). En efecto, los cerdos asilvestrados de Timaukel sólo albergan un haplotipo, encontrado también en algunas razas antiguas de Europa. Por lo tanto, esto sugiere que los animales encontrados en Timaukel podrían tener su origen en un solo o muy pocos eventos de introducción, directamente desde Europa a finales del siglo XIX. Esta hipótesis parece ser la más parsimoniosa, ya que es consistente con las observaciones de Fuentes (1923) y con el registro de la llegada masiva de inmigrantes europeos en Tierra del Fuego a finales del siglo XIX, tras el auge de la agricultura, la minería del oro y la ganadería. Sin embargo, no se puede descartar un origen neozelandés de la población Timaukel, dada la relación con los haplotipos de Oceanía, y la liberación habitual de antiguas razas de cerdos europeos, ahora raras, en diversos puntos del continente e islas del Pacífico, entre los siglos XVIII y XIX. Sin embargo, no se encontraron pruebas para apoyar más de un evento introducción de cerdos en el bosque de Timaukel, como lo sugerido por Skewes (1990). Un estudio más amplio que incluya muestras continentales de América del Sur y otras islas subantárticas ayudaría a aclarar esta materia.

La identificación del mismo haplotipo (Hap_2) en los cerdos asilvestrados obtenidos en Vicuña y en una cepa rústica de cerdo ibérico, sugiere que el origen de la población de Vicuña podría estar relacionada con las primeras introducciones desde Europa (Gade, 1987). En las poblaciones de cerdos asilvestrados de Australia, la presencia del mismo haplotipo se ha asociado con las primeras etapas de la colonización por los europeos en los siglos XVIII al XIX (Góngora *et al.*, 2004). Por otra parte, aunque no existe una descripción precisa de las poblaciones de cerdos asilvestrados en América Latina, los pocos estudios sobre el tema, han identificado descendientes de los primeros animales introducidos distribuidos desde México hasta el extremo sur de Argentina (Benítez, 2001).

1.4.5 Conectividad genética entre los cerdos asilvestrados y domésticos

Los animales muestreados en granjas de TDF mostraron haplotipos de dos linajes diferentes, asiáticos y europeos. La presencia de ADN mitocondrial de origen asiático en los cerdos domésticos de Chile no es sorprendente, ya que algunas de las razas comerciales modernas se han creado a partir de la introgresión de germoplasma asiático en los cerdos domésticos europeos en el siglo XVIII (Larson *et al.*, 2005). Después de esto, se introdujeron en la producción intensiva global, llegando a Chile a mediados del siglo XIX (Cuadra, 1866; Alves *et al.*, 2003; Groeneveld *et al.*, 2010). Es posible encontrar descendientes de la cruce entre razas modernas comerciales y cerdos de líneas ibéricas antiguas en diversas zonas rurales de América Latina (Grossi *et al.*, 2006). Sin embargo, nuestro estudio no muestra evidencia de introgresión genética de ADNmt asiático en las poblaciones de cerdos asilvestrados de TDF, lo que sugiere que el escape de cerdos desde los pequeños puntos de crianza de Cerro Sombrero y Porvenir2 es muy raro o inexistente. El hecho de que los cerdos criados en Onaissin posean un haplotipo europeo no identificado en los cerdos asilvestrados, indica que este lugar de cría tampoco ha contribuido a la reserva genética de las poblaciones silvestres.

El mismo haplotipo observado en los cerdos domésticos de Porvenir1 y los animales asilvestrados de Timaukel sugiere una conexión entre los dos sitios. Sin embargo, al comparar la relación genética entre ellos, mediante análisis de marcadores microsátélites, se observa que los individuos fueron asignados a diferentes cluster, con lo que se concluye que los cerdos domésticos de Porvenir 1 y la población de Timaukel no poseen un vínculo reciente, aunque poseen al menos un ancestro en común. Esto es coherente con lo señalado por el propietario de los cerdos de Porvenir1, quién sostiene que sus animales se originaron a partir de ejemplares que fueron regalados a su abuelo, antes de 1950, desde una estancia al sur de TDF (Sr. Colún, comunicación personal). No obstante, no se puede descartar que este centro de crianza local se haya abastecido directamente desde las primeras introducciones de la especie en TDF, o bien, a partir de la captura de cerdos asilvestrados desde Timaukel TDF, ya que una situación de similares características fue identificada cerca del sector Vicuña. En la Figura 1.5 se muestran cerdos mantenidos en un potrero, que de acuerdo a datos proporcionados por guardaparques, correspondieron a parte de una camada de una hembra asilvestrada capturada en Vicuña con fines de consumo local. La similitud de secuencias *D-loop* mitocondrial y la

diferencia de microsatélites nucleares entre ambas áreas, se puede explicar si inferimos que en Porvenir se ha preferido conservar a las hembras como reproductoras, realizando la cruce con machos de distinto origen. Estas prácticas pueden ser relativamente comunes en pequeños centros de cría, puesto que conservar a las hembras y compartir a los machos sería económicamente más rentable que mantener a ambos.

Por otro lado, es probable que si algún cerdo hubiera sido liberado intencional o casualmente desde Porvenir1 habrían sido capturados o habrían muerto producto de la caza, falta de alimento o refugio debido a las características topográficas y climáticas de la zona central de TDF (Pisano, 1977). No obtuvimos evidencia de que los lugareños muevan o movilicen animales asilvestrados entre Timaukel y Vicuña, como lo observado por Spencer y Hampton (2005) en Australia.



Figura 1.5 Cerdos hijos de una hembra capturada preñada desde el medio natural en el sector Vicuña. De acuerdo al relato de locales, el tamaño original de la camada fue de 11 crías (Imagen propiedad del autor, del 22 nov 2011)

1.5 Referencias

- Alves E, Óvilo C, Rodríguez MC y Silió L (2003) Mitochondrial DNA sequence variation and phylogenetic relationships among Iberian pigs and other domestic and wild pig populations. *Animal Genetics* 34: 319–324
- Alves PC, Pinheiro I, Godinho R, Vincente J, Gortázar C y Scandura M (2010) Genetic diversity of wild boar populations and domestic pig breeds (*Sus scrofa*) in Southwestern Europe. *Biological Journal of the Linnean Society* 101: 797–822
- Benítez W (2001) Los cerdos criollos de América Latina. En: Benítez W, Sánchez M (ed) Los cerdos locales en los sistemas tradicionales de producción. Estudio de producción y sanidad animal, n° 148, FAO Italy. pp 312
- Bujalesky G (2007) Coastal geomorphology and evolution of Tierra del Fuego (Southern Argentina) *Geologica Acta* 5: 337–362
- Burnett K, Kaiser B, Pitafi B y Roumasset J (2006) Prevention, eradication and containment of invasive species: Illustration from Hawaii. *Agricultural and Resource Economics Review* 35:63–77
- Campbell T y Long D (2009) Feral swine damage and damage management in forest ecosystem. *Forest Ecology and Management* 257: 2319–2326
- Carrion V, Donlan CJ, Campbell KJ, Lavoie C y Cruz F (2011) Archipelago-wide island restoration in the Galápagos Islands: reducing costs of invasive mammal eradication programs and reinvasion risk. *PLoS ONE* 6(5): e18835
- Charoensook R, Brenig B, Gatphayak K y Knorr C (2011) Further resolution of porcine phylogeny in Southeast Asia by Thai mtDNA haplotypes. *Animal Genetics* 42 (4): 445–450
- Choquenot D, McIlroy J y Korn T (1996) Managing vertebrate pests: feral pigs. Bureau of Resource Sciences, Canberra, Australian Publishing Service, Canberra, Australian Capital Territory, Australia
- Cruz F, Donlan CJ, Campbell K y Carrion V (2005) Conservation action in the Galápagos: Feral pig (*Sus scrofa*) eradication from Santiago Island. *Biological Conservation* 121: 473–478
- Cuadra PL (1866) Apuntes sobre jeografía, física i política de Chile. Parte 1. Imprenta Nacional, Santiago, Chile. 276pp
- Fang M y Andersson L (2006) Mitochondrial diversity in European and Chinese pigs is consistent with population expansions that occurred prior to domestication. *Proc Biol Sci*, 273:1803–1810
- Fasanella M, Poljak S y Lizarralde M (2010). Invasive North American Beaver (*Castor canadensis*): the distribution of mitochondrial variation across the archipelago of Tierra del Fuego. *Mastozoología Neotropical* 17(1):43–52
- Frankham R (2005) Resolving the genetic paradox in invasive species. *Heredity* 94:385
- Fuentes A (1923). Tierra del Fuego. Los canales magallánicos. Impr. Central, E. Lampert, Valdivia/Chile. pp 49
- Gade D (1987) The Iberian Pig in the Central Andes. *Journal of Cultural Geography* 7(2): 35–49

- Giuffra E, Kijas JM, Amarger V, Carlborg O, Jeon JT y Andersson L (2000) The origin of the domestic pig: independent domestication and subsequent introgression. *Genetics* 154: 1785–1791
- Gong W, Sinden J, Braysher M y Jones R (2009) The economic impacts of vertebrate pests in Australia. Invasive Animals Cooperative Research Centre, Canberra. pp 8–27
- Gongora J, Fleming P, Spencer PBS, Manson R, Garkavenko O, Meyer J–N, Droegemueller C, Lee JH y Moran C (2004) Phylogenetic relationships of Australian and New Zealand feral pigs assessed by mitochondrial control region sequence and nuclear GPII genotype. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 33: 339–348
- Groeneveld LF, Lenstra JA, Eding H, Toro MA, Scherf B, Pilling D, Negrini R y Finlay EK, Jianlin H, Groeneveld E, Weigend S y The GLOBALDIV Consortium (2010) Genetic diversity in farm animals – a review. *Animal Genetics* 41: 6–31
- Grossi SF, Lui JF, García JE y Meirelles FV (2006) Genetic diversity in wild (*Sus scrofa scrofa*) and domestic (*Sus scrofa domestica*) pigs and their hybrids based on polymorphism of a fragment of the D–loop region in the mitochondrial DNA. *Genetics and Molecular Research* 5(4): 564–568
- Hampton J, Spencer P, Alpers D, Twigg L, Woolnough A, Doust J, Higgs T y Pluske J (2004) Molecular techniques, wildlife management and the importance of genetic populations structure and dispersal: a case study with feral pigs. *Journal of Applied Ecology* 41: 735–743
- Horwitz LK y Bar–Gal GK (2006) The origin and genetic status of insular caprines in the eastern Mediterranean: a case study of free–ranging goats (*Capra aegagrus cretica*) on Crete. *Journal of Human Evolution* 21:123–38
- Keuling O, Lauterbach K, Stier N y Roth M (2010) Hunter feedback of individually marked wild boar *Sus scrofa* L.: dispersal and efficiency of hunting in northeastern Germany. *European Journal of Wildlife Research* 56:159–167
- Kim K, Lee J, Li K, Zhang Y, Gongora J y Moran C (2002) Phylogenetic relationships of Asian and European pig breeds determined by mitochondrial D–loop sequence polymorphism. *Animal Genetics* 33:19–25
- Kippis A (1795) Historia de la vida y viages del Capitán Jaime Cook. Tomo II, Imprenta Real Madrid, España. pp 46–51
- Kolbe JJ, Glorm RE, Rodríguez L, Chamizo AR, Larson A y Losos JB (2004) Genetic variation increases during biological invasion by a Cuban lizard. *Nature* 431:177–181
- Lacroix F (1841) Historia de la Patagonia, Tierra del Fuego, é Islas Malvinas. Barcelona: Imprenta del Libral Barcelones, Barcelona, España. pp 73
- Larson G, Dobney K, Albarella U, Fang MY, Matisoo–Smith E, Robins J, Lowden S, Finlayson H, Brand T, Willerslev E, Rowley–Conwy P, Andersson L y Cooper A (2005) Worldwide phylogeography of wild boar reveals multiple centers of pig domestication. *Science* 307: 1618–1621
- Larson G, Liu RR, Zhao XB, Yuan J, Fuller D, Barton L, Dobney K, Fan Q, Gu Z, Liu XH, Luo Y, Lv P, Andersson L y Li N (2010) Patterns of East Asian pig domestication, migration, and turnover revealed by modern and ancient DNA. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 107: 7686–7691
- Larson G, Cucchi T, Fujita M, Matisoo–Smith E, Robins J, Anderson A, Rolett B, Spriggs M, Dolman G, Kim TH, Thuy NT, Randi E, Doherty M, Due RA, Bollt R, Djubiantono T, Griffin B, Intoh M, Keane E, Kirch P, Li KT, Morwood M, Pedriña LM, Piper PJ, Rabett RJ, Shooter P, Bergh G, West E, Wickler S, Yuan J, Cooper A y Dobney K

- (2007) Phylogeny and ancient DNA of *Sus* provides insights into neolithic expansion in Island Southeast Asia and Oceania. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 104: 4834–4839
- Lum JK, McIntyre JK, Greger DL, Huffman KW y Vilar MG (2006) Recent Southeast Asian domestication and Lapita dispersal of sacred male pseudohermaphroditic 'tuskers' and hairless pigs of Vanuatu. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 103 (46):17190–17195
- Mittermeier R, Mittermeier C, Robles-Gil P, Pilgrim J, Fonseca G, Brooks K y Konstant J (2002) Wilderness: Earth's last wild places. Conservation International, Washington, District of Columbia, USA. pp 573
- Nogueira-Filho S, Nogueira SC y Frangoso JM (2009) Ecological impacts of feral pigs in the Hawaiian Islands. *Biodiversity and Conservation* 18: 3677–3683
- Novak SJ y Mack RN (2005) Genetic bottlenecks in alien plant species: influences of mating systems and introduction dynamics. En: Sax DF, Stachowicz JJ, Gaines SD (ed) *Species Invasions: Insights into Ecology, Evolution, and Biogeography*. Sinauer Associates, Sunderland, Massachusetts. pp 480
- Okumura N, Ishiguro N, Nakano M, Hirai K, Matsui A y Sahara M (1996) Geografic population structure and sequence divergence in the mitochondrial DNA control region of the Japanese wild boar (*Sus scrofa leucomystax*), with reference to those of domestic pigs. *Biochemical Genetics* 34: 179–189
- Okumura N, Kurosawa Y, Kobayashi E, Watanobe T, Ishiguro N, Yasue H y Mitsuhashi T (2001) Genetic relationship amongst the major non-coding regions of mitochondrial DNAs in wild boars and several breeds of domesticated pigs. *Animal Genetics* 32: 139–147
- Parkes JP, Ramsey DS, Macdonald N, Walker K, Mcknight S, Cohen BS y Morrison SA (2010) Rapid eradication of feral pigs (*Sus scrofa*) from Santa Cruz Island, California. *Biological Conservation* 143: 634–641
- Peakall R y Smouse PE (2012) GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research – an update. *Bioinformatics* 28: 2537–2539
- Pérez-Rosales V (1859) Ensayo sobre Chile. Imprenta del Ferrocarril, Santiago, Chile. pp 518
- Pisano E (1977) Fitogeografía de Fuego-Patagonia Chilena. I. Comunidades vegetales entre las latitudes 52° y 56°S. *Anales del Instituto de la Patagonia* 8:121–250
- Pritchard JK, Wena X y Falushb D (2009) Documentation for Structure software: Version 2.3
- Ramsey D, Parkes J y Morrison S (2009) Quantifying eradication success: the removal of feral pigs from Santa Cruz Island, California. *Conservation Biology* 23: 449–459
- Reveillaud E, Rives G, Muza R y Briceño C (2008). Invasión de Cerdos en Karukinka, Tierra del Fuego, Chile. LI Reunión Anual de la Sociedad de Biología de Chile. Pucón, Chile.
- Saavedra B (2006) Karukinka, nuevo modelo para la conservación de biodiversidad. Iniciativas de Conservación. *Revista Ambiente y Desarrollo* 22(1): 21–27
- Saavedra B, Simonetti J y Redford K (2011) Private Conservation, the example that the Wildlife Conservation Society builds from Tierra del Fuego. En: *Biodiversity Conservation in the Americas: Lessons and Policy Recommendations* (Ed: E. Figueroa) pp 506 (Fen-Universidad de Chile: Chile)
- Saunders G y McLeod S (1999) Predicting home range size from the body mass or population densities of feral pigs, *Sus scrofa* (Artiodactyla: Suidae). *Australian Journal of Ecology* 24: 538–543

- Silva CA y Saavedra B (2008) Knowing for controlling: ecological effects of invasive vertebrates in Tierra del Fuego. *Revista Chilena de Historia Natural* 81: 123–136
- Simberloff D, Relva M y Nuñez M (2003) Introduced Species and Management of a Nothofagus/Austrocedrus Forest. *Environmental Management* 31 (2): 263–275
- Skewes O (1990) Status des Wildschweins, *Sus scrofa* L., in Chile. Dokumentation einer Fremdansiedlung von Europäischen Wild. PhD Thesis. Georg–August Universität Göttingen, Germany. pp 249
- Soto N y Cabello J (2007) Informe final: Programa control de fauna dañina en la XIIa Región 2004–2007. SAG–FONDEMA. Servicio Agrícola y Ganadero, Magallanes y Antártica Chilena, Punta Arenas
- Sparklin BD, Mitchell MS, Hanson LB, Jolley DB y Ditchkoff SS (2009) Territoriality of feral pigs in a highly persecuted population on Fort Benning, Georgia. *Journal of Wildlife Management* 73(4): 497–502
- Spencer PBS y Hampton JO (2005) Illegal Translocation and Genetic Structure of Feral Pigs in Western Australia. *Journal of Wildlife Management* 69(1): 377–384
- Tamura K, Peterson D, Peterson N, Stecher G, Nei M y Kumar S (2011) MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. *Molecular and Biological Evolution* 28(10): 2731–2739
- Tanaka K, Iwaki Y, Takizawa T, Dorji T, Tshering G, Kurosawa Y, Maeda Y, Mannen H, Nomura K, Dang V, Chumphith L, Bouahom B, Yamamoto Y, Daing T y Namikawa T (2008) Mitochondrial diversity of native pigs in the mainland South and South–east Asian countries and its relationships between local Wild Boars. *Animal Science Journal* 79: 417–434
- Teacher AGF y Griffiths DJ (2010) HapStar: automated haplotype network layout and visualization. *Molecular Ecology Resources* 11: 151–153
- Thompson JD, Gibson TJ y Higgins DG (2002) Multiple sequence alignment using ClustalW and ClustalX. *Curr Protoc Bioinformatics* August: Chapter 2, Unit 2.3
- Ursing BM y Arnason U (1998) Analyses of mitochondrial genomes strongly support a hippopotamus–whale clade. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences* 265: 2251–2255
- Vera R (1897) La Colonia de Magallanes i Tierra del Fuego (1843–1897). Imprenta de La Gaceta. Santiago, Chile. pp 505
- Watanobe T, Ishiguro N, Okumura N, Nakano M, Matsui A, Hongo H y Ushiro H (2001) Ancient mitochondrial DNA reveals the origin of *Sus scrofa* from Reibun Island, Japan. *Journal of Molecular Evolution* 52(3): 281–289
- Watanobe T, Okumura N, Ishiguro N, Nakano M, Matsui A, Sahara M y Komatsu M (1999) Genetic relationship and distribution of the Japanese wild boar (*Sus scrofa leucomystax*) and Ryukyu wild boar (*Sus scrofa riukiuanus*) analysed by mitochondrial DNA. *Molecular Ecology* 8(9): 1509–1512
- Weeks P y Packard J (2009) Feral hogs: invasive species or nature's bounty? *Human Organization* 68 (3): 289–292
- Wu GS, Yao YG, Qu KX, Ding ZL, Li H, Palanichamy MG, Duan ZY, Li N, Chen YS y Zhang YP (2007) Population phylogenomic analysis of mitochondrial DNA in wild boars and domestic pigs revealed multiple domestication events in East Asia. *Genome Biology* 8: R245
- Yue GH y Wang GL (2003) Molecular genetic analysis of the Chinese Erhualian pig breed. *South African Journal of Animal Science* 33(3): 59–165

Zivin J, Brent BM y Zilberman D (2000) Managing a Multiple-Use Resource: The Case of Feral Pig Management in California Rangeland. *Journal Environmental Economics Management* 39: 189-204



CAPÍTULO 2

Distribución y estructura poblacional de los cerdos asilvestrados del Parque Natural Karukinka

Resumen

En este Capítulo, se recopila información a partir del conocimiento ecológico local (CEL) y búsqueda de signos de la presencia de cerdos asilvestrados en campo mediante el uso de transectos. Además, se analizó la variación genética en la región control del ADN mitocondrial (D-loop) y de 11 loci microsatélites (SSR) ampliamente utilizados en el estudio genético de *Sus scrofa*. Tanto el CEL, como el análisis de campo identificaron la presencia de esta exótica sólo en Vicuña y Timaukel, extremos de Isla Tierra del Fuego Chile, constituyendo una población de carácter estable en Timaukel y esporádica en Vicuña, con ingreso de ejemplares desde Argentina. El análisis de estructura genética demostró la independencia entre ambas poblaciones ($p < 0.05$) sin evidencias de migración, ni translocación intencional de animales entre ambas distribuciones. El análisis de diversidad genética mostró un relativamente bajo grado de polimorfismo atribuible a un cuello de botella específico, posiblemente derivado del efecto que tuvieron intensos episodios de caza en el pasado y/o contingencias ambientales. Se detectó además, una compleja estructuración genética dentro de la población de Timaukel, con movimiento de ejemplares adultos y subadultos dentro y fuera de los límites del parque, reconociéndose mayor éxito reproductivo en tres machos. Las hembras en tanto, se encontraron formando parte de grupos matriarcales o pequeños grupos de hembras adultas sin crías.

Palabras clave: D-loop, ADN mitocondrial, microsatelites, estructura poblacional

2.1 Introducción

Las islas, aun cuando representan el 3% de la superficie terrestre albergan el 20% de todas las aves, reptiles y plantas del mundo (Aguirre–Muñoz *et al.*, 2008). Debido a su aislamiento, las islas poseen un elevado número de especies endémicas, con altas tasas de extinción (Donlan, 2008). Los mamíferos salvajes exóticos o domésticos son una de las principales causas de la pérdida de biodiversidad, transmisión de enfermedades y degradación de ecosistemas insulares (Campbell y Long, 2009; Gong *et al.*, 2009; Nogueira–Filho *et al.*, 2009; Carrión *et al.*, 2011).

Sus scrofa puede tener rangos de hogar muy variables. Comúnmente se ha descrito como una especie de distribución discreta y estable en el tiempo, cuyas características de invasión siguen siendo controvertidas (Choquenot *et al.*, 1996). En estado silvestre su número tiende a aumentar rápidamente cuando encuentra condiciones óptimas para la sobrevivencia (Taylor *et al.*, 1998). En los ecosistemas donde se distribuye favorablemente, las principales motivaciones de desplazamiento y colonización de nuevas áreas se relacionan con la reproducción, búsqueda de alimento y como respuesta al aumento de la densidad poblacional (Massei *et al.*, 1997). Al ser monogástrico no reserva durante mucho tiempo los alimentos ingeridos ya que la digestión de los mismos se hace de manera rápida, por lo que diariamente debe hojar el terreno en busca de raíces e insectos (Benítez y Sánchez, 2001). Esta capacidad adaptativa a distintos ambientes, conducta generalista y hábito de hojar potencian los efectos nocivos de su introducción (Drake *et al.*, 1989; Simberloff, 1995).

Una vez introducidos en Isla Tierra del Fuego, los cerdos se han mantenido asilvestrados por más de ochenta años, en núcleos identificados como Timaukel y Vicuña (ver Capítulo 1). Sin embargo, se desconoce si esta invasora se organiza en una o más poblaciones, si se ha expandido a otras áreas naturales del sur de TDF, o si las características propias del ambiente subantártico constituyen una efectiva limitante a la colonización de nuevos territorios.

En el Capítulo anterior identificamos dos episodios de introducción de cerdos en el ecosistema sur de Isla Tierra del Fuego y con esto dimos un paso en la reconstitución de la historia de esta exótica en el cono sur de América. Sin embargo, explorar la distribución y reconocer la

estructura poblacional de esta especie en el Parque Natural Karukinka constituye una tarea para comprender el comportamiento que los animales han tenido en el tiempo, e inferir el efecto que la presión ambiental ejerce sobre la expansión y mantención de la especie, además de evaluar el riesgo potencial en la transmisión de enfermedades de importancia económica y sanitaria (ejemplo Hampton *et al.*, 2004b).

Para identificar la presencia de una especie invasora como *Sus scrofa* es necesario reconocer las señales que deja en el ecosistema que impacta. Donde quiera que una población de cerdos asilvestrados esté presente registrará en el ecosistema los signos de su presencia. Uno de los rastros más comunes es la hozadura, que se caracteriza por el movimiento y levantamiento de la tierra que el animal realiza con el hocico. Esto expone las capas del suelo con el consiguiente impacto sobre éste y la vegetación circundante. Además, se pueden encontrar huellas, camas, senderos, heces, bañaderos (o revolcadero) y marcas en los árboles.

En este capítulo indagamos en (1) la distribución actual de los cerdos asilvestrados en TDF chilena, (2) las potenciales barreras ambientales restrictivas a la migración y (3) en las posibilidades de desplazamiento de los individuos dentro y fuera del área privada protegida.

2.2 Materiales y métodos

2.2.1 Área de estudio

El Parque Natural Karukinka comprende 297.6 km² de área protegida privada, con particulares características fisio-, oro- y geomórficas y variedad de ecosistemas subantárticos (Gerding y Thiers, 2002; Bujalesky, 2007; Saavedra *et al.*, 2011). Se caracteriza por presentar ecosistemas de tipo subandino oriental de clima trasandino con degeneración esteparia (Pisano, 1977), presentando un rango anual de precipitaciones entre 338 y 852 mm, y temperatura media anual entre 2.7 y 5.3° C (Henríquez, 2004). El 68% de su superficie posee cubierta vegetal continua, representada por áreas de bosque templado subantártico, estepa húmeda y vegetación andina, con cumbres que no sobrepasan los 1000 metros de altitud (Pisano, 1977). En el 32% restante

predominan grandes extensiones de humedal. Durante todo el año se presentan fuertes vientos del sudoeste y oeste, con velocidades que pueden alcanzar los 150 km/h (Gerding y Thiers, 2002). Para esta investigación se muestrearon ejemplares en áreas dentro y aledañas al Parque, en los sectores “Río Bueno (**RB**: 53°45'52"S, 69°56'55"O)” y “Lote 4 (**L4**: 53°44'50"S, 69°53'27"O)” por el suroeste (Timaukel), y “Sector La Canela (**SC**: 54°07'56"S, 68°40'16"O)” y “Laguna del Carabinero (**LC**: 54°10'21"S, 68°37'09"O)” por el sureste (Vicuña). Detalles gráficos de los sitios de muestreo se presentan en Anexo I.

2.2.2 Conocimiento ecológico local

De acuerdo a lo sugerido por Anadón *et al.* (2008) se realizó un análisis de conocimiento ecológico local (CEL) para generar una base de distribución de la especie *Sus scrofa* en el Parque Natural Karukinka y ambientes aledaños. Se enviaron 46 encuestas electrónicas a funcionarios de los servicios estatales relacionados con el rubro ganadero y educación de Chile y Argentina (n = 12), historiadores (n = 2), funcionarios municipales (n = 9), propietarios de comercio y turismo de Tierra del Fuego de Chile y Argentina (n = 15) y habitantes de Isla Navarino (n = 1) y Ushuaia (n = 7). Siguiendo las pautas generales de evaluación recomendadas por Davis y Wagner (2003) se realizaron 31 entrevistas *in situ* a cazadores (n = 8), guardaparques (n = 3), funcionarios públicos (n = 4) y particulares de los sectores Porvenir, Timaukel, Cameron, Russfin, Pampa Guanaco, Vicuña, Río Blanco y Yendegaia (n = 16), Tierra del Fuego, Chile.

2.2.3 Transectos

Para corroborar o rectificar la información obtenida mediante CEL, se realizaron 12 transectos lineales en vehículo y/o a pie en las zonas de Timaukel (53°45'11"S; 69°55'04"O), Russfin (53°46'51"S; 69°28'08"O), Puerto Yartou (53°52'46"S; 70°04'11"O), Lago Escondido (53°49'57"S; 69°39'55"O), Vicuña (54°08'10"S; 68°39'52"O), Lago Blanco (54°04'27"S; 68°56'47"O) y Sector Lago Fagnano (54°19'15"S; 68°58'17"O) de 9 km de largo promedio (Anexo 1, Figura 1a). En los transectos se buscaron signos o rastros de presencia de cerdos asilvestrados incluyendo avistamiento de individuos, vocalizaciones, huellas, hozaduras, revolcaderos, heces, marcas en la corteza de árboles, pelos, etc. (Aranda, 2000; Skewes, 2009). Para determinar diferencias significativas en la presencia de cerdos asilvestrados según

transectos y época, se utilizaron pruebas no paramétricas de Kruskal Wallis y Wilconxon (ejemplo Gutiérrez, 1995).

2.2.4 Material biológico

Se muestrearon 42 cerdos asilvestrados cazados en las zonas Timaukel (n = 37) y Vicuña (n = 5) del Parque Natural Karukinka. Once animales fueron cazados en el ecosistema boscoso de río Bueno (**RB**), y tres desde el sector La Canela (**SC**), dentro de los límites del Parque Natural Karukinka. Además, veintiséis ejemplares fueron cazados en bosques del sector Lote 4 (**L4**) y dos desde Laguna del Carabinero (**LC**), fuera de los límites del Parque. Además se recibió una muestra de piel de una ejemplar hembra juvenil abatida por cazadores locales en sector **L4**, en otoño de 2011. Se colectó además, tejido fetal obtenidos a partir de cuatro hembras para indagar acerca de la reproducción de la especie en la zona (detalles en Tabla 2.1). Las muestras correspondieron a 1cm³ de tejido hepático, excepto una muestra de piel, se almacenaron en alcohol 90° a -20°C.

La disparidad entre la cantidad de ejemplares obtenidos en las distintas zonas se debió a que la caza fue oportunista dependiendo de las limitaciones logísticas y densidad poblacional por área y por temporada. La ubicación de cada ejemplar cazado fue georeferenciada. Los sitios de abatimiento fueron incorporados en un mapa satelital de cobertura vegetal con el programa Arcview GISTM (AnexoI, Figuras 1b y 1c).

La edad de los animales fue calculada mediante análisis de cronología dental (Matschke, 1967; Diong, 1973).

2.2.5 Extracción de ADN y análisis molecular

Para la extracción de ADN, purificación y secuenciación de los fragmentos de la región control (*D-loop*) de mtDNA se utilizó la metodología descrita en el Capítulo 1.

Tabla 2.1 Principales datos de las muestras colectadas y su ubicación geográfica

n	Coordenadas		Nombre	Sexo	Sector	Fecha	Hora	Edad*	Color [†]	CC [‡]	Fetos
1	53°45'52"S	69°56'55"O	RB.01	H	RB	10.03.10	14:30	24m	Btn	3	-
2	54°07'42"S	68°40'43"O	SC.02	M	SC	31.03.10	16:30	24m	Dom	3	-
3	53°46'06"S	69°58'23"O	RB.03	H	RB	16.05.10	11:20	17m	Ne	2	-
4	53°46'06"S	69°58'23"O	RB.04	H	RB	16.05.10	12:00	17m	Ne	3	-
5	53°46'06"S	69°58'23"O	RB.05	H	RB	16.05.10	11:35	44m	AN	3	-
6	53°46'06"S	69°57'44"O	RB.06	H	RB	17.05.10	11:30	36m	AN	4	10
7	53°46'06"S	69°57'44"O	RB.07	M	RB	17.05.10	11:40	8m	AN	3	-
8	53°46'06"S	69°57'44"O	RB.08	M	RB	17.05.10	11:50	8m	AN	3	-
9	53°44'58"S	69°54'05"O	L4.09	M	L4	18.05.10	11:20	20m	AN	4	-
10	53°44'49"S	69°54'00"O	L4.10	H	L4	18.05.10	13:00	17m	Ne	4	-
11	53°44'49"S	69°54'00"O	L4.11	H	L4	18.05.10	13:01	14m	Ne	3	-
12	53°44'56"S	69°54'05"O	L4.12	M	L4	19.05.10	10:10	2s	Dom	3	-
13	53°44'56"S	69°54'05"O	L4.13	H	L4	19.05.10	10:10	2s	AN	3	-
14	53°44'56"S	69°54'05"O	L4.14	M	L4	19.05.10	10:10	2s	Ne	3	-
15	53°44'56"S	69°54'05"O	L4.15	M	L4	19.05.10	11:20	2s	Ne	3	-
16	53°44'56"S	69°54'05"O	L4.16	H	L4	19.05.10	11:20	2s	Cal	3	-
17	53°44'37"S	69°53'25"O	L4.17	M	L4	20.05.10	09:30	17m	AN	5	-
18	53°44'19"S	69°53'56"O	L4.18	M	L4	20.05.10	11:45	19m	Ne	4	-
19	54°07'49"S	68°38'36"O	SC.19	H	SC	12.04.10	17:05	24m	Dom	3	-
20	54°10'23"S	68°37'00"O	LC.20	H	LC	06.06.10	16:20	20m	Bl	3	-
21	54°10'23"S	68°37'00"O	LC.21	H	LC	06.06.10	16:25	30m	Dom	3	-
22	53°44'32"S	69°53'15"O	L4.22	H	L4	19.08.10	14:00	20m	Ne	3	9
23	53°44'32"S	69°53'15"O	L4.23	H	L4	19.08.10	14:05	20m	Ne	3	9
24	53°44'34"S	69°53'04"O	L4.24	M	L4	20.08.10	10:05	7m	AN	3	-
25	53°44'34"S	69°53'04"O	L4.25	H	L4	20.08.10	10:10	7m	Ne	3	-
26	53°44'22"S	69°53'19"O	L4.26	M	L4	21.08.10	11:20	7m	AN	3	-
27	53°44'22"S	69°53'19"O	L4.27	H	L4	22.08.10	14:30	7m	Ne	3	-
28	53°44'22"S	69°53'19"O	L4.28	H	L4	22.08.10	15:00	7m	Cal	3	-
29	53°46'07"S	69°58'39"O	RB.29	M	RB	20.05.11	13:10	4a	AN	4	-
30	53°45'59"S	69°58'58"O	RB.30	M	RB	20.05.11	15:10	6a	AN	3	-
31	53°45'55"S	69°57'47"O	RB.31	M	RB	20.05.11	16:15	20m	Ne	3	-
32	53°45'35"S	69°56'24"O	RB.32	M	RB	21.05.11	18:00	30m	Ne	4	-
33	53°44'54"S	69°53'90"O	L4.33	H	L4	15.05.11	-	6m	AN	-	-
34	53°44'46"S	69°53'21"O	L4.34	M	L4	22.05.11	15:10	17m	Bl	3	-
35	53°44'45"S	69°53'19"O	L4.35	M	L4	22.05.11	11:30	17m	Bl	3	-
36	53°44'51"S	69°53'45"O	L4.36	M	L4	23.05.11	15:40	17m	Ne	3	-
37	53°44'50"S	69°53'27"O	L4.37	M	L4	23.05.11	15:46	6m	Ne	3	-
38	53°44'50"S	69°53'27"O	L4.38	H	L4	23.05.11	15:46	6m	Btn	4	-
39	53°44'50"S	69°53'27"O	L4.39	M	L4	23.05.11	15:46	6m	AN	4	-
40	53°44'50"S	69°53'27"O	L4.40	H	L4	23.05.11	16:35	3a	AN	3	9
41	53°44'46"S	69°53'25"O	L4.41	M	L4	25.05.11	12:00	25m	AN	4	-
42	54°08'31"S	68°40'23"O	SC.42	M	SC	02.07.10	13:40	20m	Dom	3	-

* Edad calculada en semanas (s), meses (m) y años (a); [†] detalle abreviación del color del manto en Capítulo 3; [‡] En base a un rango de condición corporal (CC) de 1–5, donde 1 es muy delgado y 5 obeso. Fecha: hace referencia de la fecha de colecta de muestras expresada en día.mes.año. H: hembra; M: macho; RB: Río Bueno; L4: Lote 4; SC: Sector La Canela; LC: Laguna del Carabinero

La genotipificación se realizó utilizando 12 loci de microsatélites (SSR) ampliamente utilizados para el estudio genético de *Sus scrofa* asilvestrada (detalles en la Tabla 2.2) (Hampton *et al.*, 2004 a y b; Spencer *et al.*, 2005; Cowled *et al.*, 2008; Frantz *et al.*, 2009; Šprem *et al.*, 2011). Estos loci han sido seleccionados por ser muy polimórficos, independientes y por no poseer indicios de alelos nulos (Alexander *et al.*, 1996; Lowden *et al.*, 2002; Vernesi *et al.*, 2003).

Cada SSR fue amplificado y etiquetado con fluorescencia utilizando una secuencia universal M13 (5'-CAC GAC GTT GTA AAA CGA C- 3') en el extremo 5' de cada cebador Forward y siguiendo el método descrito por Schuelke (2000). Se utilizaron cuatro diferentes fluorescencias para etiquetar los marcadores microsatélites: 6-carboxifluoresceína (6-FAM), 2'-cloro-7'-fenil-1,4-dicloro-6-carboxifluoresceína (VIC), 2'-cloro-5'-fluoro-7', 8'-fusionado-fenil-1,4-dicloro-6-carboxifluoresceína (NED), PET® (Applied Biosystems, Courtaboeuf, Francia) y ROX (6-carboxi-X-rodamina). ROX está reservado para el etiquetado de ADN interno de tamaño estándar (GeneScan ROX-500). Las reacciones de PCR se realizaron en un volumen de 10µL que contenía 20-30 ng de ADN genómico, 1X Colorless GoTaq® Flexi Buffer [100mM Tris-HCl (pH 8.8 a 25°C) 500mM KCl] (Promega, USA), 3.2 µM de dNTPs, 160nM de M13 marcado con las fluorescencias FAM, VIC, NED o PET, 80 nm de cebador forward, 160nm de cebador reverse, 1.5 mM de MgCl₂ y 1 U de ADN polimerasa GoTaq® Flexi (Promega, USA). Las condiciones de termociclado incluyeron la desnaturalización inicial de 5 min seguido de 35 ciclos a 94 °C durante 30 s, 56 °C durante 45 s y 72 °C durante 45 s, seguido de 10 ciclos a 94 °C durante 30 s, 53 °C durante 45 s y 72 °C durante 40 s. Esto fue seguido por una etapa de extensión a 72 °C durante 10 min. Los fragmentos de ADN se sometieron a electroforesis capilar por MacroGen Inc. (Seúl, Corea) utilizando un secuenciador automático de ADN ABI3730 XL. Los tamaños de amplificación fueron registrados manualmente utilizando el software GeneMaker versión 1.80 (SoftGenetics, State College, Pennsylvania, USA).

En las etapas iniciales de esta investigación se consideraron dos marcadores microsatélites adicionales (S0068 y SW122), pero debido a dificultades en la amplificación e inconsistencia de resultados, fueron descartados del análisis final.

Tabla 2.2 Loci de microsatélites analizados en este estudio, localización en el cromosoma, n° de acceso GenBank, secuencias de cebadores y principales variables PCR

n°	Nombre	Crom.	GenBank	Secuencia cebador (5' - 3')	ADN (ng)	MgCl ₂ (mM)	Referencia cebador
1	S0155	1	EX570200	F- VIC -TGTTCTCTGTTTCTCCTCTGTTTG R- AAAGTGGAAAGAGTCAATGGCTAT	20	0.12	1
2	SW240	2p	AF235246	F- PET -AGAAATTAGTGCCTCAAATTGG R- AAACCATTAAGTCCCTAGCAAA	30	0.24	2
3	S0226	2q	L29230	F- NED -GGTTAAACTTTTNCCTCAATACA R- GCACTTTTAACTTTTCATGATGCTCC	20	0.12	3
4	S0002	3	M97229	F- NED -GAAGCCAAAGAGACAACTGC R- GTTCTTTACCCACTGAGCCA	30	0.24	4
5	S0005	5	M97232	F- FAM -TCCTTCCCTCCTGGTAACTA R- GCACTTCTGATTTCTGGGTA	30	0.24	4
6	SW632	7	AF225099	F- FAM -TGGGTTGAAAGATTTCCCAA R- GGAGTCAGTACTTTGGCTTGA	20	0.12	2
7	SW911	9	AF225106	F- NED -CTCAGTTCTTTGGGACTGAACC R- CATCTGTGGAAAAAAAAAAGCC	30	0.24	2
8	SW951	10	AF235412	F- PET -TTTCACAACCTCTGGCACCAG R- GATCGTGCCCAAATGGAC	20	0.12	2
9	S0090	12	M95002	F- PET -CCAAGACTGCCTTGTAGGTGAATA R- GCTATCAAGTATTGTACCATTAGG	30	0.24	5
10	SW857	14	AF225105	F- PET -TGAGAGGTCAGTTACAGAAGACC R- GATCCTCCTCCAAATCCCAT	20	0.12	2
11	SW936	15	AF225107	F- FAM -TCTGGAGCTAGCATAAGTGCC R- GTGCAAGTACACATGCAGGG	20	0.12	2
12	S0026	16	AU222687	F- FAM -AACCTTCCCTTCCCAATCAC R- CACAGACTGCTTTTACTCC	20	0.12	6

(1) Ellengren *et al.*, 1994; (2) Rohrer *et al.*, 1994; (3) Robic *et al.*, 1994; (4) Fredholm *et al.*, 1993; (5) Ellengren *et al.*, 1993; (6) Coppieters *et al.*, 1993

2.2.6 Diversidad genética y estructuración poblacional

Análisis de las secuencias de ADN mitocondrial

Se realizó la edición y alineamiento de secuencias de los fragmentos D-loop mitocondrial de 42 cerdos asilvestrados (Timaukel = 37, Vicuña = 5) con los programas GENEIOUS® 5.5.3 (Biomatters Ltd.) y Clustal W (Thompson *et al.*, 2002) respectivamente. Para indagar en la presencia de estructuración poblacional y calcular la magnitud del flujo de genes entre los núcleos Timaukel y Vicuña se calculó la diversidad haplotípica (Hd), la diversidad

nucleotídica (π) y el índice de fijación (F_{ST}) por pares de poblaciones, utilizando el programa DnaSP (Librado y Rozas, 2009). Se realizó un análisis de Chi-cuadrado para probar la heterogeneidad de la distribución de frecuencias de haplotipos entre las muestras de cerdos asilvestrados usando 1.000 aleatorizaciones de los datos, implementados en ARLEQUIN 3.5 (Excoffier y Lischer, 2010).

Análisis de los microsatélites

Diversidad genética

Se excluyó en la descripción y cuantificación de la diversidad genética al/los loci monomórficos, tanto para el análisis intra como interpoblacional. Utilizando los programas GENALEX v6.5 (Peakall y Smouse, 2012) y GENEPOP v4.1 (Rousset, 2008) se calcularon los siguientes parámetros de variabilidad genética: número de alelos observados, proporción de loci polimórficos, número de alelos por locus (N_A), número de alelos efectivos por locus (N_E), heterocigocidad observada (H_O) y heterocigocidad esperada (H_E), como la diversidad genética de Nei y el índice de fijación de Wright ($F = 1 - (H_O/H_E)$). Se evaluó, además, la desviación del equilibrio de Hardy-Weinberg mediante prueba exacta de GENEPOP v4.1. Para estimar el poder de discriminación de los marcadores moleculares analizados, se estimó el contenido de información polimórfica (PIC) para cada locus, con el programa GENALEX v6.5.

Para indagar en la estructuración dentro de las poblaciones, con GENALEX v6.5 se calcularon los índices de fijación (F_{IS} y F_{ST}) utilizando 10000 permutaciones. El F_{IS} se interpretó como una medida de endogamia, con sus valores entre -1 y 1, donde un valor negativo indicó un exceso de heterocigotos respecto al equilibrio Hardy-Weinberg, y un valor positivo un déficit. El F_{ST} determina el grado de diferenciación génica entre las poblaciones, en función de las frecuencias alélicas, donde un valor de 0 a 0.05 se consideró como diferenciación genética pequeña entre poblaciones, de 0.05 a 0.15 como moderada, de 0.15 a 0.25 con grandes diferencias y > 0.25 como poblaciones muy diferenciadas. Además, se calculó la medida de diferenciación genética a través de los loci (G_{ST}), que asume que las

poblaciones están en equilibrio y que intercambian migrantes entre sí con igual probabilidad y a una tasa constante (Ryman y Leimar, 2009).

Estructura poblacional

El grado de diferenciación entre poblaciones fue evaluado mediante análisis de varianza molecular AMOVA, que estimó la varianza total existente entre individuos de diferentes zonas geográficas, dentro de cada zona geográfica y dentro de los individuos utilizando GENALEX v6.5 con 9999 iteraciones.

Para inferir la cantidad más probable de poblaciones (K) de cerdos asilvestrados en Tierra del Fuego chilena, se analizó la variación de 12 microsátélites con el programa BAPS 5.1 (Corander *et al.*, 2008), donde bajo el supuesto de admixia (que asume que los individuos podrían tener un origen común) se realizó un análisis de cluster mediante aproximación Bayesiana para K con 1000 iteraciones por medio de cadenas de Markov de tipo Monte Carlo (MCMC). De tal manera que cada cerdo asilvestrado de TDF fue asignado probabilísticamente a un cluster según la afinidad de sus genotipos. Para corroborar las asignaciones los datos fueron analizados con STRUCTURE 2.3 (Pritchard *et al.*, 2009), ampliamente utilizado para identificar estructura poblacional.

Para indagar en la estructura poblacional se realizó un análisis de coordenadas principales (ACoP) que reconoce el patrón de agrupamiento de todos los individuos muestreados en el espacio. Para esto, el programa GENALEX v6.5 utiliza los datos obtenidos a partir de la matriz de similitud genética creada con el mismo recurso informático. A partir de la medida de diferenciación genética, GENEPOP v4.1 calculó también el flujo genético entre Timaukel y Vicuña (N_m). Con el programa NeESTIMATOR (Do *et al.*, 2014) se estimó el tamaño efectivo contemporáneo (N_e) de la población de Timaukel con el método basado en el desequilibrio de ligamiento, considerando un intervalo de confianza de 95%.

Estructura genética intrapoblacional

Los resultados evidencian que no existe conexión entre los ejemplares colectados en LC y SC en la zona de Vicuña. Sin embargo, no se profundiza en el análisis de esta población debido al

limitado número de muestras ($n = 5$) que puede inducir a error en la interpretación de los resultados. Para reconocer la existencia de una relación significativa entre la distancia geográfica y la distancia genética dentro de la zona de Timaukel, se realizó un test de Mantel (Mantel, 1967) para los individuos colectados dentro (RB = Río Bueno) o fuera (L4 = Lote 4) del Parque Natural Karukinka implementado en el programa ALLELE IN SPACE (AIS: Miller, 2005). Esta prueba analiza la significancia de la correlación entre las matrices geográfica y genética, con lo que se evalúa si la asociación entre ambos parámetros es o no más robusta que lo que se esperaría por azar (Diniz-Filho *et al.*, 2013). Mediante el uso del algoritmo de Monmonier se buscaron barreras genéticas a través del paisaje. Para esto, AIS aplica triangulaciones de Delaunay (Brouns *et al.*, 2003) para generar una red de conectividad. Las barreras se identifican mediante un color, separando a los grupos homogéneos del resto de la población. AIS permitió además, observar el patrón espacial de la diversidad genética en el paisaje, generando una superficie de tres dimensiones, donde X e Y representan una parcela de puntos geográficos (50 x 40 para este estudio) y el eje Z representa las distancias genéticas como picos de menor o mayor altura.

A continuación se realizó un análisis de asignación poblacional y autocorrelación espacial sexo-sesgada con objeto de realizar inferencias acerca de la movilidad diferenciada de los individuos entre RB y L4, de acuerdo a si estos son hembras o machos. Para ello se utilizó la herramienta GENALEX v6.5, con un intervalo de confianza de 95%, 999 permutaciones y 1000 bootstraps.

Estructura social intrapoblacional

Se describió el nivel de agrupación de los individuos encontrados en campo, tanto en los sectores RB y L4 de Timaukel, Isla Tierra del Fuego. Los animales fueron identificados según sexo y edad. En el Capítulo 3 se detalla acerca de estas asignaciones y su incidencia en la población.

Para evidenciar la relación y parentesco entre individuos, se utilizaron los programas ML-RELATE (Kalinowski *et al.*, 2006), que calcula las estimaciones de máxima verosimilitud incorporando alelos nulos (para reducir el error) y CERVUS 3.0 (Kalinowski *et*

al., 2007) que reconoce las relaciones de padres e hijos, aun considerando que los genotipos puedan estar mal escritos. ML-RELATE asigna además, la relación más probable entre pares de individuos, ya sea identificando hermanos, medio hermanos, padre-cría o ausencia de parentesco directo.

Finalmente, se estimó la relación genealógica más probable para los 37 individuos muestreados, además de 33 fetos. La probabilidad de exclusión de paternidad fue calculada a partir de las frecuencias alélicas observadas utilizando el programa CERVUS. Para esto se consideraron los niveles de significancia de las relaciones de parentesco aportadas por ML-RELATE y CERVUS. Cuando existió desacuerdo, se consideró la opción más probable considerando herramientas no genéticas, como edad y sexo de los individuos. Cuando existieron dos relaciones con altas probabilidades, principalmente entre asignación de paternidad y hermanos, se otorgaron ambas filiaciones. De acuerdo a esto se presenta una gráfica referencial que sólo debe ser considerada como una guía respecto de la situación poblacional.

El análisis de paternidad de los fetos consistió en la comparación del genotipo de cada descendiente con el genotipo de la madre, para identificar los alelos maternos y paternos para cada locus. En los casos de asignación de diferentes padres a fetos de la misma camada por ML-RELATE y CERVUS se estimó paternidad múltiple tentativa.

2.3 Resultados

2.3.1 Análisis de CEL y Transectos

A partir del análisis de 11 encuestas recuperadas (23.9%) y 31 entrevistas se recabó la siguiente información respecto del conocimiento ecológico local (CEL):

Zona Timaukel: El 72.1% ($p < 0.05$) de los participantes declaró conocer la presencia de un grupo de cerdos asilvestrados en el área boscosa de Timaukel (Sectores Río

Bueno y Lote 4), en la región suroeste de TDF, Chile (Timaukel), con introducción inicial hace al menos ochenta años. Esta información es equivalente a la obtenida mediante análisis bibliográfico (Skewes, 1990). Los lugareños atribuyen esta invasión a las primeras estancias asentadas en TDF, que liberaron ejemplares adultos al ecosistema boscoso de Timaukel, de manera intencional o accidental.

Zona Vicuña: Sólo el 11.9% ($p > 0.05$) de los encuestados se manifestó en conocimiento de un grupo de cerdos asilvestrados en Vicuña, desde hace aproximadamente cinco años. Desconocen si su aparición tiene relación con el núcleo existente en Timaukel. Los registros de presencia de *Sus scrofa* en el área, al igual en Timaukel, comprenden áreas dentro y fuera del Parque Natural Karukinka.

Ambas localidades han estado expuestas a la presión de caza inconstante de guardaparques y cazadores, que en ocasiones trasladan sus productos hacia continente u otras regiones insulares para consumo y/o comercialización. Además, algunos habitantes extraen ejemplares desde el ambiente natural con fines de crianza local a pequeña escala (ver Capítulo 1). En la Tabla 2.3 se detallan los hallazgos encontrados en seis diferentes áreas del sur de Tierra del Fuego chilena.

El territorio que denotó la presencia de cerdos en las zonas Timaukel y Vicuña comprendió en promedio 600 ha de terreno natural, con una altitud media de 600 msnm (200 a 850 msnm). Tanto en la zona de Timaukel como Vicuña del Parque Natural Karukinka, la presencia de cerdos asilvestrados siempre estuvo asociada a bosque. De acuerdo a los signos descubiertos en terreno, como huellas, hozaduras, camas, revolvaderos, marcas y heces, además del avistamiento directo de ejemplares, determinamos que los cerdos asilvestrados presentan actividad preferentemente diurna, hozando de manera abundante (37%) en sotobosques de asociación Coigüe de Magallanes–Lenga (*Nothofagus betuloides* – *N. pumilio*) de densidad variable (entre 400 y 500 árboles ha⁻¹, con área basal mayor a 80 m² ha⁻¹), preferentemente en las zonas de luz en el bosque, producto de la tala o caída de árboles, con impacto sobre el estrato gramíneo y helechos (*Pteridium esculentum*) (62.4%), También, aunque menos frecuente (0.6%), encontramos registro del tránsito de cerdos por bosque puro de Coigüe de Magallanes, multietáneos de diversa densidad (alrededor de 1.200 árboles ha⁻¹ con área basal

cercana a 100 m² ha⁻¹), ubicados alrededor de las turberas. En este tipo de bosques los registros fueron más frecuentes en las áreas donde la altura de los árboles de *N. betuloides* alcanzó incluso los 30 m.

Tabla 2.3 Transectos y reconocimiento de signos de la presencia de cerdos asilvestrados en seis zonas del sur de TDF

Área	Transectos		Coordenadas	Signos		Observaciones (n° animals)
	Nombre	Distancia (Km)		Tipo	Temporada	
Timaukel	Rio Bueno	15.64	53°45'59"S 69°58'58"O	hozadura, cama, revolcadero, huellas, marcas, heces	verano, otoño e invierno 2010; otoño 2011	16
	Lote 4	17.54	53°44'23"S 69°53'20"O	hozadura, cama, revolcadero, huellas, marcas, heces	Otoño e invierno 2010; otoño 2011	49
Puerto Yartour	Cerro Yartour	4.23	53°53'53"S 70°03'35"O	ausente	ausente	0
Lago Escondido	Refugio WCS	3.21	53°52'25"S 69°33'33"O	ausente	ausente	0
Vicuña	Cerro Cóndores	7.71	54°07'42"S 68°40'44"O	hozadura, cama, huellas, marcas, heces	verano y otoño 2010; otoño 2011	7
	Sector La Canela	10.2	54°07'49"S 68°38'37"O	huellas	otoño 2010	2
	Refugio WCS-Petro	7.36	54°08'23"S 68°42'15"O	hozadura, huellas	verano 2010	0
	Laguna del Cura	9.32	54°08'38"S 68°45'59"O	hozaduras antiguas	incierto	0
	Lote 10	5.79	54°10'40"S 68°43'30"O	huellas	verano 2010	0
	Laguna El Carabinero	7.92	54°10'24"S 68°37'00"O	hozadura, huellas, marcas	invierno 2010	2
Lago Blanco	Cerro Cuchilla	6.74	54°05'17"S 68°58'18"O	ausente	ausente	0
Yendegaia	Yendegaia	13.03	54°27'31"S 68°47'20"O	ausente	ausente	0
Total		108.04			Total	76
Promedio		9.00			Promedio	6.33

Los signos de presencia de la especie se vieron principalmente asociados a cursos de agua como en Río Bueno (53°44'45"S; 69°57'28"O), Río Rasmussen (53°54'44"S; 68°42'57"O), o bien, a castoreras (en ambas distribuciones), además de zonas con moderada perturbación forestal en Sector L4. En invierno encontramos hozaduras y presencia de ejemplares, preferentemente en áreas cercanas a senderos o caminos vehiculares. En Anexo IV se presenta el registro fotográfico de hábitat y rastros encontrados en campo.

Por otro lado, el 40% de los entrevistados ($p < 0.05$) señalaron haber visto cerdos asilvestrados en territorios ajenos al Parque Natural Karukinka, tales como:

Russfin (2.4%): avistamiento de un ejemplar hace aproximadamente ocho años en bosque del sector La Pirucha.

Lago Blanco (2.4%): caza de tres cerdos en sector ex “aserradero Radonich” hace aproximadamente treinta años.

Lago Escondido (2.4%): vistante señala haber acompañado a los guardaparques en la búsqueda de ejemplares con fines de caza y consumo.

Puesto María – Puerto Yartour (9.5%): caza y avistamiento de cerdos en bosques de Puerto Yartour hace aproximadamente diez años.

Isla Navarino (4.7%): se describe una población permanente que participa de la destrucción de sitios arqueológicos (conchales yaganes) a lo largo de la costa de isla Navarino.

Tierra del Fuego–Argentina (19%): caza, avistamientos y presencia de signos alrededor de Estancia San Justo, aldeaña a frontera con Chile en Vicuña. Además se describen episodios de caza de cerdos asilvestrados en la zona centro sur de TDF–Argentina, en La Carmen a mediados de los 80’s.

2.3.2 Estructura genética de los cerdos asilvestrados de Tierra del Fuego

Análisis de diversidad genética

El locus SW951, fue monomórfico en ambas poblaciones (Timaukel y Vicuña) con un tamaño de 142 pb, y el locus S0090 fue monomórfico sólo en la población de Vicuña con 262 pb.

Once loci fueron polimórficos con un número promedio de alelos por locus $N_A = 4.37 \pm 1.21$ (3 – 6), una heterocigosidad media esperada H_E de 0.472 ± 0.15 y una heterocigosidad media observada H_O de 0.374. La heterocigosidad esperada generalmente fue superior a la observada para todos los locus, excepto S0155 (Tabla 2.4). En prácticamente todos los loci en el global de animales muestreados ($n = 42$) se vieron alelos privados (alelos encontrados en una sola localidad), excepto el locus monomórfico SW951. Lista de alelos privados por locus se presenta en Tabla 2.5.

Tabla 2.4 Parámetros descriptivos para 11 loci polimórficos en el global de animales muestreados ($n = 42$), donde N_A : número de alelos, N_E : número efectivo de alelos, H_O : heterocigosidad observada, H_E : heterocigosidad esperada, F : índice de fijación de Wright (F_{IS}); p : valor de significancia estadística de los desvíos del equilibrio HardyWeinberg (ns: no significativo; ***: $p < 0.001$; *: $p < 0.05$)

Locus	N_A	N_E	H_O	H_E	F	p
SW936	6	2.000	0.381	0.500	0.238	***
SW857	4	2.962	0.619	0.662	0.065	***
S0155	4	2.967	0.762	0.663	-0.149	***
S0226	4	2.217	0.476	0.549	0.133	ns
S0005	6	1.464	0.167	0.317	0.474	***
SW911	4	1.413	0.214	0.292	0.267	ns
S0026	6	1.904	0.333	0.475	0.298	***
SW632	3	2.571	0.500	0.611	0.182	ns
S0002	3	1.469	0.238	0.319	0.255	ns
S0090	3	1.330	0.048	0.248	0.808	***
SW240	5	2.270	0.381	0.560	0.319	*
Promedio	4.4	2.052	0.374	0.472	0.263	
D.E.	1.3	0.604	0.208	0.154	0.241	

Los loci que presentaron el número máximo de alelos ($N_A = 6$) fueron SW936, S0005 y S0026, y sólo tres alelos en los loci SW632, S0002 y S0090. El mínimo valor de alelos efectivos encontrado fue de $N_E = 1.330$ en el locus S0090, de un total de cinco alelos detectados, y el máximo fue de $N_E = 2.967$ para el locus S0155 con cuatro alelos. Globalmente, se rechaza la hipótesis nula de equilibrio de HW para siete loci: SW936, SW857, S0155, S0005, S0026, S0090 y SW240 ($p < 0.05$). Detalles en Tabla 2.4.

Tabla 2.5 Lista de alelos únicos o privados por locus en las poblaciones Timaukel (n = 37) y Vicuña (n = 5)

Zona	Locus	Alelos privados	Zona	Locus	Alelos privados
Timaukel	SW936	90	Vicuña	SW936	128–130
	SW857	169		SW857	161
	S0155	171		S0155	165
	S0226	195–211		S0226	197
	S0005	256–258–266		S0005	246–254
	SW911	185		SW911	183
	S0026	109		S0026	89–113–128–130
	SW632	185		S0002	213
	S0090	264–266		SW240	115–127
	SW936	113			

Tabla 2.6 Variabilidad genética promedio de 11 loci microsatélites en ambas distribuciones, donde D.E.: desviación estándar, N: tamaño de la muestra, N_A : número de alelos; N_E : número efectivo de alelos; H_O : heterocigosidad observada; H_E : heterocigosidad esperada; F: índice de fijación de Wright (F_{IS})

Población		N	N_A	N_E	H_O	H_E	F
Timaukel	promedio	37	2.909	1.821	0.351	0.394	0.136
	D.E.		0.163	0.176	0.072	0.061	0.075
Vicuña	promedio	5	3.182	2.411	0.545	0.515	-0.055
	D.E.		0.400	0.300	0.081	0.065	0.092

Análisis de diversidad genética, según zona geográfica

Al analizar los parámetros descriptivos de variabilidad y diversidad genética según distribución (Timaukel y Vicuña), evidenciamos que el promedio de la heterocigosidad observada y heterocigosidad esperada fue mayor en la zona de Vicuña que en Timaukel. Aunque en Vicuña se colectó un pequeño número de animales, presentó un mayor porcentaje de loci monomórficos (83.33% de loci polimórficos en Vicuña frente a un 91.67% de

Timaukel). En ambas poblaciones el promedio de H_O fue menor que el promedio de H_E . En la Tabla 2.6 se muestra la comparación de valores promedio de diversidad alélica según distribución.

Tabla 2.7 Parámetros descriptivos para 11 loci polimórficos en la población de Timaukel ($n = 37$), donde N : Tamaño de la muestra; N_A : número de alelos; N_E : número efectivo de alelos; PIC: contenido de información polimórfica; H_O : heterocigosidad observada; H_E : heterocigosidad esperada; F : índice de fijación de Wright (F_{IS}); p : valor de significancia estadística de los desvíos del equilibrio HardyWeinberg (ns: no significativo; ***: $p < 0.001$; **: $p < 0.01$)

Locus	N	N_A	N_E	PIC	H_O	H_E	F	p
SW936	37	3	1.916	0.404	0.351	0.478	0.265	***
SW857	37	3	2.478	0.526	0.649	0.596	-0.088	ns
S0155	37	3	2.566	0.542	0.811	0.610	-0.329	ns
S0226	37	3	2.114	0.449	0.432	0.527	0.179	ns
S0005	37	4	1.249	0.190	0.081	0.199	0.593	***
SW911	37	3	1.179	0.146	0.162	0.152	-0.067	ns
S0026	37	2	1.583	0.300	0.270	0.368	0.266	ns
SW632	37	3	2.651	0.000	0.541	0.623	0.132	ns
S0002	37	2	1.339	0.543	0.189	0.253	0.253	ns
S0090	37	3	1.056	0.221	0.054	0.053	-0.021	ns
SW240	37	3	1.903	0.052	0.324	0.474	0.316	**

El nivel de diversidad alélica fue muy bajo en el total de los loci analizados de la población de Timaukel, con un mínimo de $N_A = 2$ para los marcadores S0026 y S0002 y un máximo de $N_A = 4$ para el marcador S0005. Del total de marcadores analizados, el locus SW632 mostró el menor contenido de información polimórfica (PIC = 0), aunque no fue el marcador menos polimórfico, habiendo detectado $N_A = 3$, siendo el locus menos informativo S0090 monomórfico. El PIC promedio de la población fue de PIC = 0.306, encontrando el máximo valor de PIC = 0.543 para el locus S0002.

Globalmente, los cerdos asilvestrados del sur de TDF no se encuentran en equilibrio de HW ($p < 0.01$). En la Tabla 2.7 se muestra el detalle de la diversidad y heterocigocidad de los alelos de la población de Timaukel. En esta distribución, la población no se encuentra en equilibrio de HW para los locus SW936, S0005 y SW240 ($p < 0.05$), mientras que en la población SE todos los locus mostraron equilibrio HW ($p > 0.05$).

Análisis de estructura genética

Mediante el análisis de la región control (*D-loop*) del ADN mitocondrial de 42 cerdos asilvestrados, identificamos al haplotipo Hap_1 como el único en todos los animales de la zona de Timaukel, y en la zona de Vicuña, el Hap_2 estuvo presente en todas las muestras colectadas, siendo un importante indicio de diferencia entre ambas poblaciones, a partir de ADN exclusivamente heredado por la hembra (detalles en el Capítulo 1).

Tabla 2.8 Análisis de la varianza molecular (AMOVA), basada en la distancia genética entre individuos dentro y entre las poblaciones de Timaukel y Vicuña, donde gl: grados de libertad; Comp. Var.: Componentes de la varianza; % var: % de variación

Fuente de variación	gl	Suma de cuadrados	Comp. Var.	% var.
Entre zonas geográficas	1	29.585	1.534	40%
Entre individuos según zona geográfica	40	102.165	0.247	6%
Dentro de individuos	42	86.500	2.060	54%
Total	83	218.250	3.841	100%

El análisis de la varianza molecular (AMOVA), basada en 11 loci microsatélites polimórficos, también mostró una diferencia significativa entre los animales de ambas distribuciones, donde la diferenciación genética entre ambas zonas explica el 40% de la variabilidad mientras que la diferencia entre individuos dentro de cada zona geográfica fue bastante más baja (6%) con valores de diferenciación genética moderada (Tabla 2.8). La varianza genética dentro de los

individuos (alelos de un mismo locus en un individuo) constituye significativamente la mayor representatividad de la varianza (54%).

Ambas zonas (Timaukel y Vicuña) presentaron un bajo nivel de endogamia, con un índice de fijación individual $F_{IS} = 0.107$, y con un exceso de heterocigotos en los loci SW857, S0155, S0226, S0005 y S0090 ($p > 0.05$). La distancia genética entre las poblaciones Timaukel y Vicuña, determinada mediante la distancia genética de Nei (DS) fue de 0.649, con una significativa diferenciación entre ambas zonas de $F_{ST} = 0.257$ y $G_{ST} = 0.371$, evidenciando estructura genética.

Utilizando algoritmos bayesianos incorporados en los programas BAPS y STRUCTURE, se identificó un $K = 2$ como número más probable de poblaciones (Figura 2.1). Tanto al comparar sólo los ejemplares adultos ($n = 26$), adultos y crías ($n = 42$), o adultos, crías y fetos ($n = 75$) cada individuo mostró una marcada pertenencia en el grupo asignado con $K = 2$.

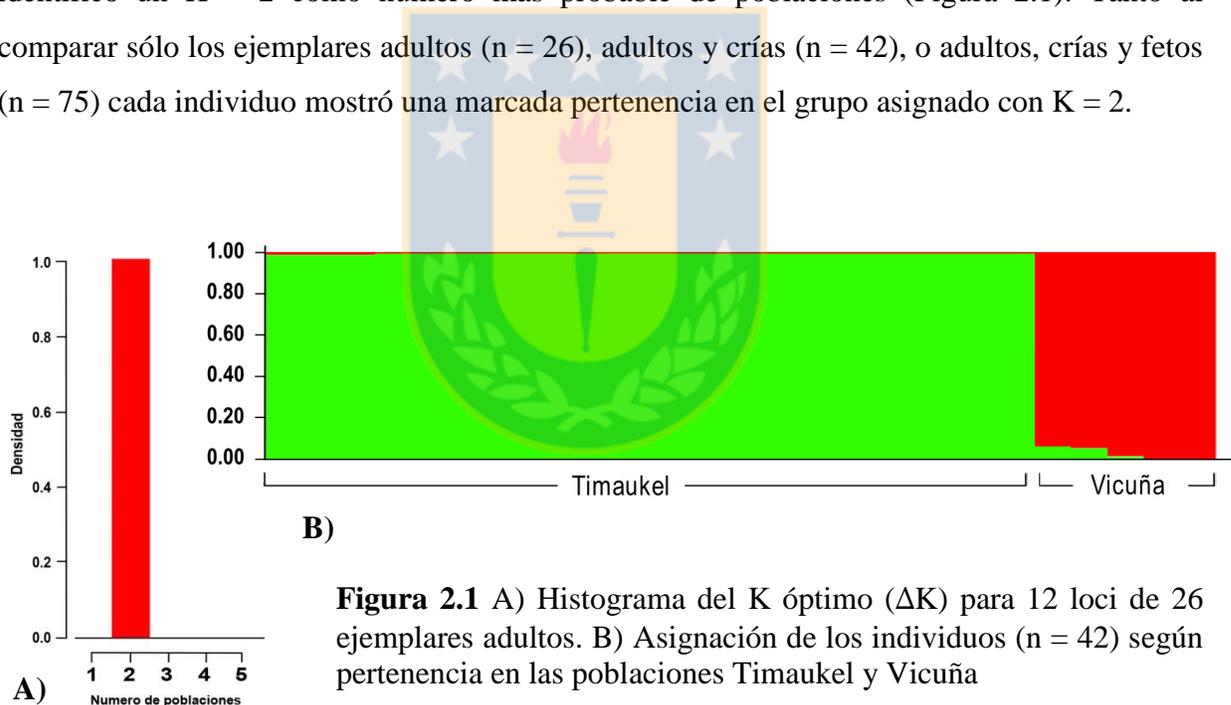


Figura 2.1 A) Histograma del K óptimo (ΔK) para 12 loci de 26 ejemplares adultos. B) Asignación de los individuos ($n = 42$) según pertenencia en las poblaciones Timaukel y Vicuña

Análisis del flujo genético

El análisis de autocorrelación espacial (datos no mostrados) mostró que tanto los ejemplares adultos como las crías se encuentran directamente relacionados con su población de origen ($p < 0.05$), es decir, que no se evidencian eventos de reproducción entre los antecesores de los cerdos de Timaukel y Vicuña del Parque Natural Karukinka.

La estimación del flujo genético entre ambas zonas geográficas, mediante análisis de 11 locus microsatélites, mostró valores de migración marginales, con un número de migrantes por generación $N_m = 0.376$. El tamaño efectivo (N_e) de la población de Timaukel fue estimado en 200.6 ± 14.4 ejemplares.

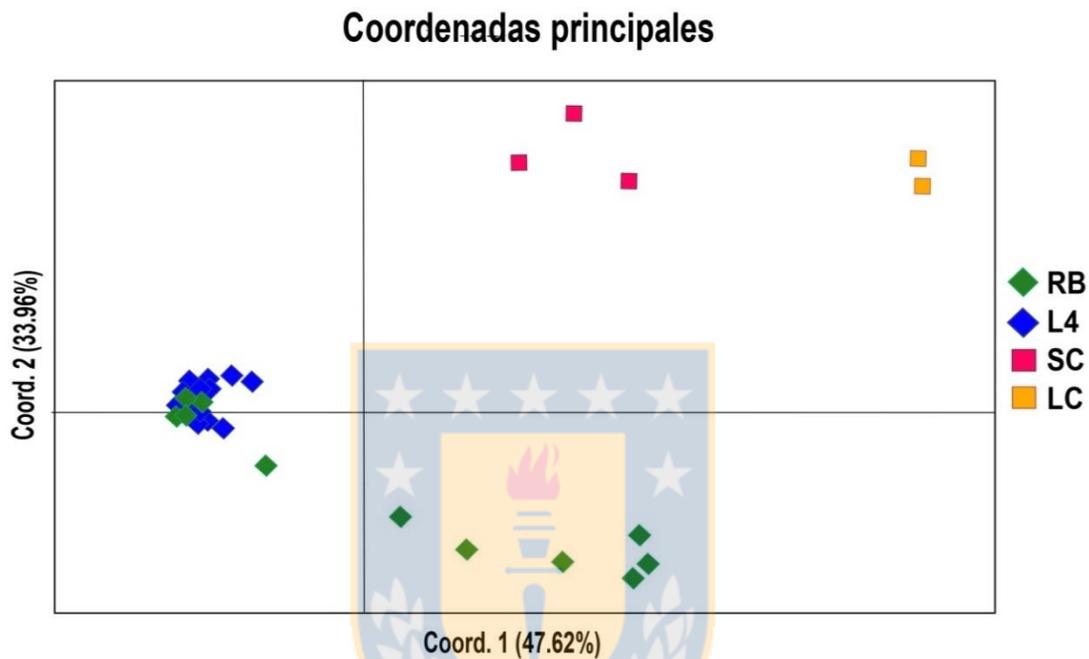


Figura 2.2 Análisis de coordenadas principales basado en la matriz de distancias genéticas para las zonas geográficas Timaukel y Vicuña. Rombos: animales de Timaukel (RB: Río Bueno, L4: Lote 4); Cuadrados: animales de Vicuña (SC: Sector La Canela, LC: Laguna del Carabinero)

La Figura 2.2 representa las afinidades relativas entre muestras, basadas en la proyección de las dos primeras coordenadas principales, construidas a partir de las matrices de distancia genética y geográfica. La distribución de las muestras en la figura permite observar una marcada estructura espacial, donde el 82% de la varianza se explica por los primeros dos componentes principales. Las poblaciones de Timaukel y Vicuña se presentan claramente diferenciadas. No obstante, también se distingue cierta restricción intrapoblacional al flujo de genes en la población de Timaukel.

Estructura genética intrapoblacional

En este análisis sólo se indaga en la estructuración de la población de Timaukel, examinando las variables genéticas de los individuos encontrados dentro (**RB** = Río Bueno) o fuera (**L4** = Lote 4) del Parque Natural Karukinka.

A pesar que ambos núcleos (RB y L4) se encuentran separados por tan sólo 5 kilómetros, los resultados del test de Mantel indicaron correlaciones significativas entre la divergencia genética y la distancia geográfica ($r = 0.197$; $p < 0.05$). Es decir que las distancias genéticas fueron significativamente menores cuando la distancia geográfica también fue menor. No obstante, su valor discretamente elevado refleja la complejidad de la estructuración de esta población.

El algoritmo de Monmonier descubre una importante barrera genética entre los individuos de Timaukel. Al analizar toda esta población, es decir, considerando ejemplares adultos ($n = 8$), subadultos ($n = 13$), juveniles y crías ($n = 14$) y fetos ($n = 33$), podemos detectar que una barrera separa genéticamente a los ejemplares 34, 35 y 41 (machos subadultos y adulto respectivamente) de todos sus vecinos. A su vez, los cerdos asilvestrados 29, 30 y 31 (machos adultos y subadulto respectivamente) también muestran estar separados genéticamente de sus vecinos más cercanos, aunque no de manera completamente restrictiva. Los ejemplares RB.01 (hembra adulta), RB.32 (macho adulto), L4.09 (macho subadulto) y L4.33 (hembra juvenil) representan la principal conexión entre los cerdos asilvestrados del interior (Río Bueno) y del exterior (Lote 4) del Parque Natural Karukinka. La Figura 2.3 muestra esta situación en detalle. No se incluyeron en el análisis, los individuos: 02, 19–21 y 42 por corresponder a animales de la población Vicuña.

El análisis de la forma del paisaje genético en la población Timaukel sugiere la existencia de un patrón, donde las mayores distancias genéticas se identificaron dentro del núcleo RB respecto del núcleo L4, lo que refleja una mayor diversidad genética subyacente en el núcleo acentado dentro del área protegida (Figura 2.4).

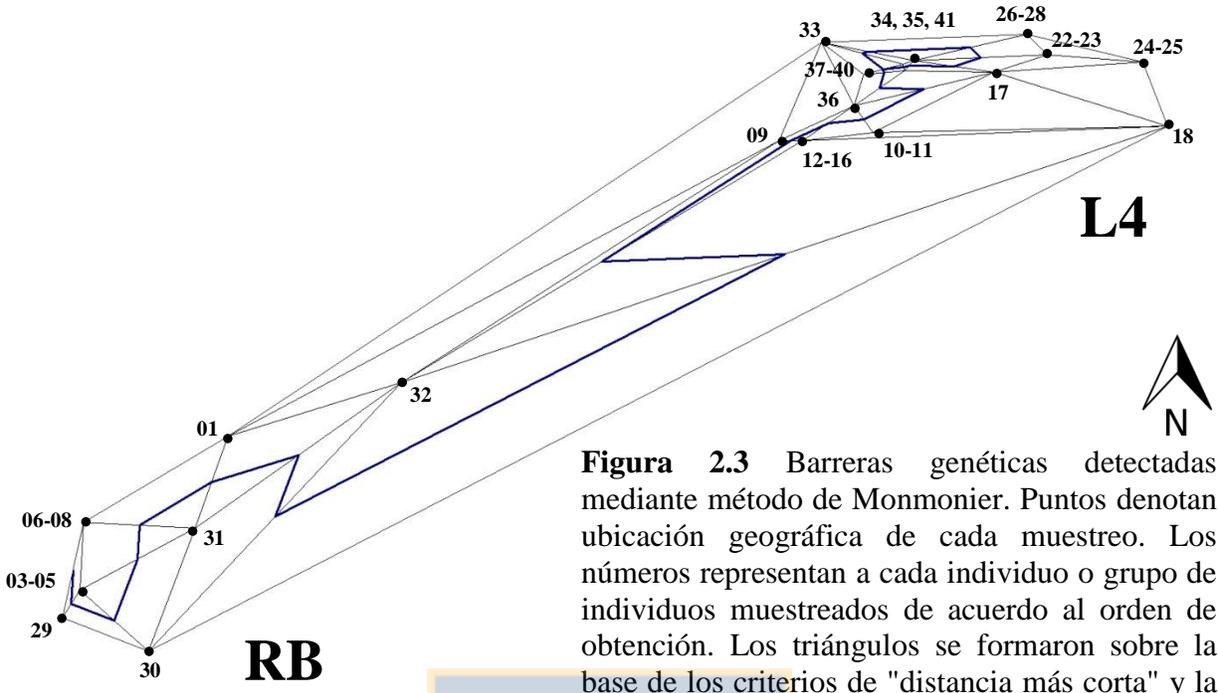


Figura 2.3 Barreras genéticas detectadas mediante método de Monmonier. Puntos denotan ubicación geográfica de cada muestreo. Los números representan a cada individuo o grupo de individuos muestreados de acuerdo al orden de obtención. Los triángulos se formaron sobre la base de los criterios de "distancia más corta" y la línea azul marca la presencia de barrera genética. RB: Río Bueno; L4: Lote 4

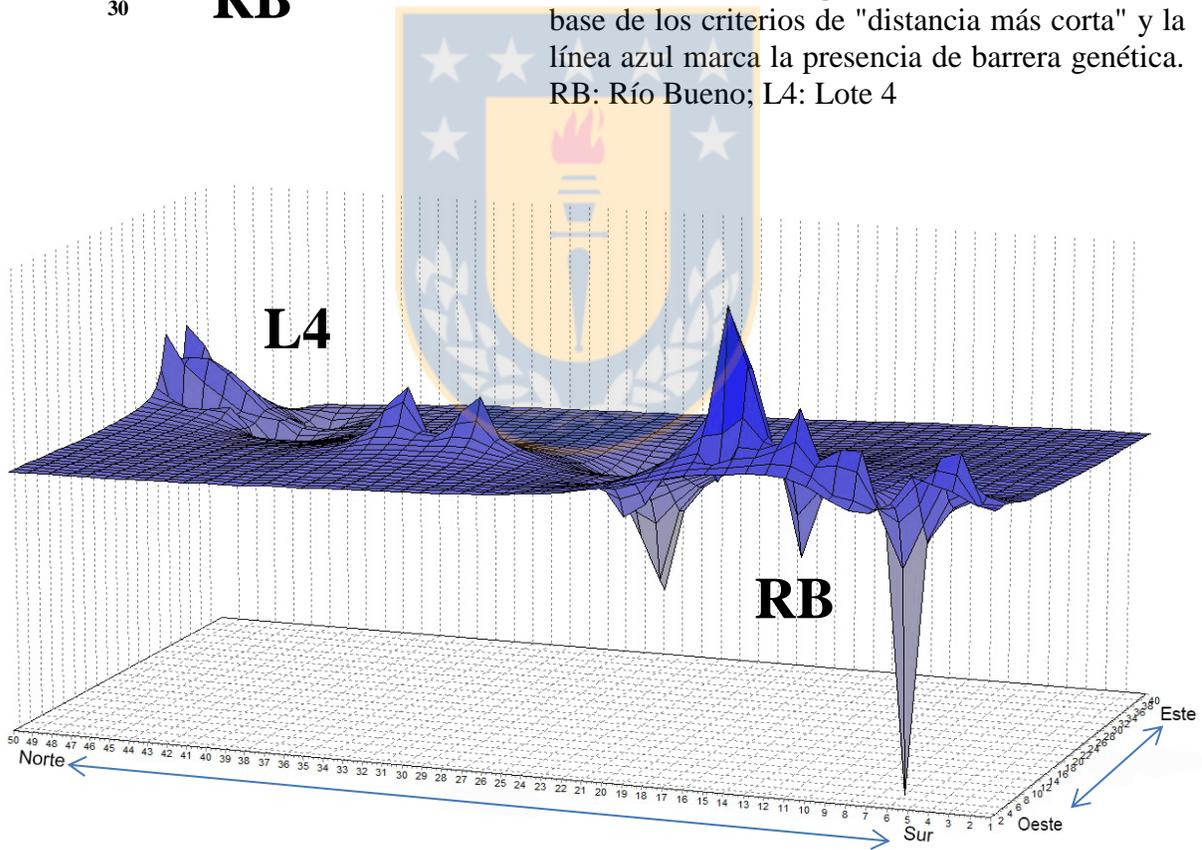


Figura 2.4 Gráfica del análisis del paisaje genético en cuadrícula de 50x40, donde los ejes X e Y se circunscriben a ubicaciones geográficas en el paisaje físico general de Timaukel, y el eje Z (alto) refleja el promedio de las distancias genéticas interindividuales. RB: Río Bueno; L4: Lote 4

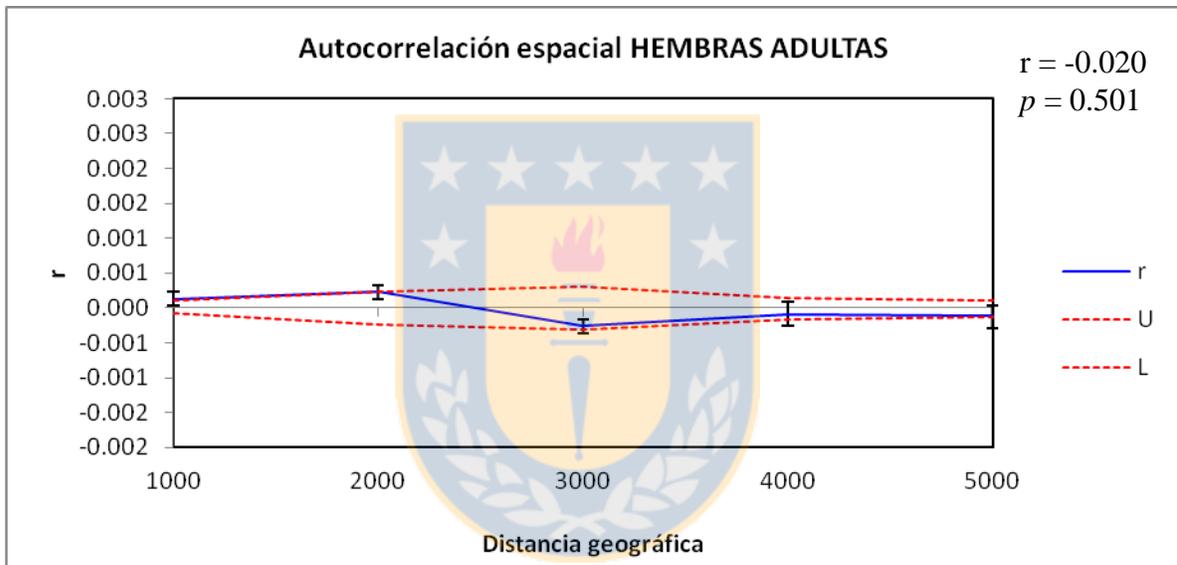
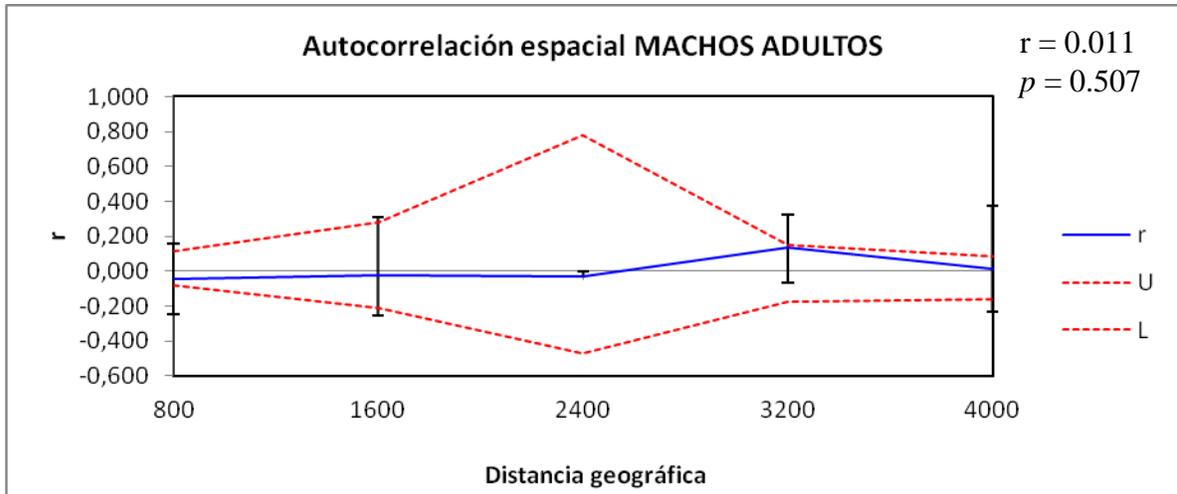


Figura 2.5 Correlograma del análisis de autocorrelación espacial de machos ($n = 8$) y hembras adultas ($n = 11$). Donde la correlación genética (r) se representa como una función de distancia. U y L representan los límites de significancia (95%), cuya hipótesis nula es la ausencia de estructura genética

Cuando se evaluó el índice de asignación al lugar de colecta, no existió diferencias significativas asociadas a lugar o sexo del animal ($p > 0.05$), considerando 21 ejemplares mayores de 12 meses de edad. No obstante, se encontró que el 50% de los machos ($n = 5$) y el 18% de las hembras ($n = 2$) mostraron valores negativos a la asignación de pertenencia al lugar de colecta. Esto quiere decir que los machos con más de un año de edad, capturados en Río Bueno, mostraron una probabilidad del 75% de haber nacido en el sector Lote 4, y el 33%

de los machos capturados en L4 de poseer su origen en Río Bueno. Respecto de las hembras, sólo una ejemplar de RB (20%) y una ejemplar de L4 (17%) mostraron una asignación de origen diferente al lugar de muestreo.

El análisis de autocorrelación espacial sexo–sesgado muestra un valor r promedio para machos subadultos y adultos de 0.011 y -0.020 para hembras subadultas y adultas ($p > 0.05$), sugiriendo que no hay restricción al flujo genético entre los dos sitios (Figura 2.5). En la Figura 2.6 se representa una visión general de la distribución espacial de hembras y machos en la zona de Timaukel de Isla Tierra del Fuego, según rango etario.

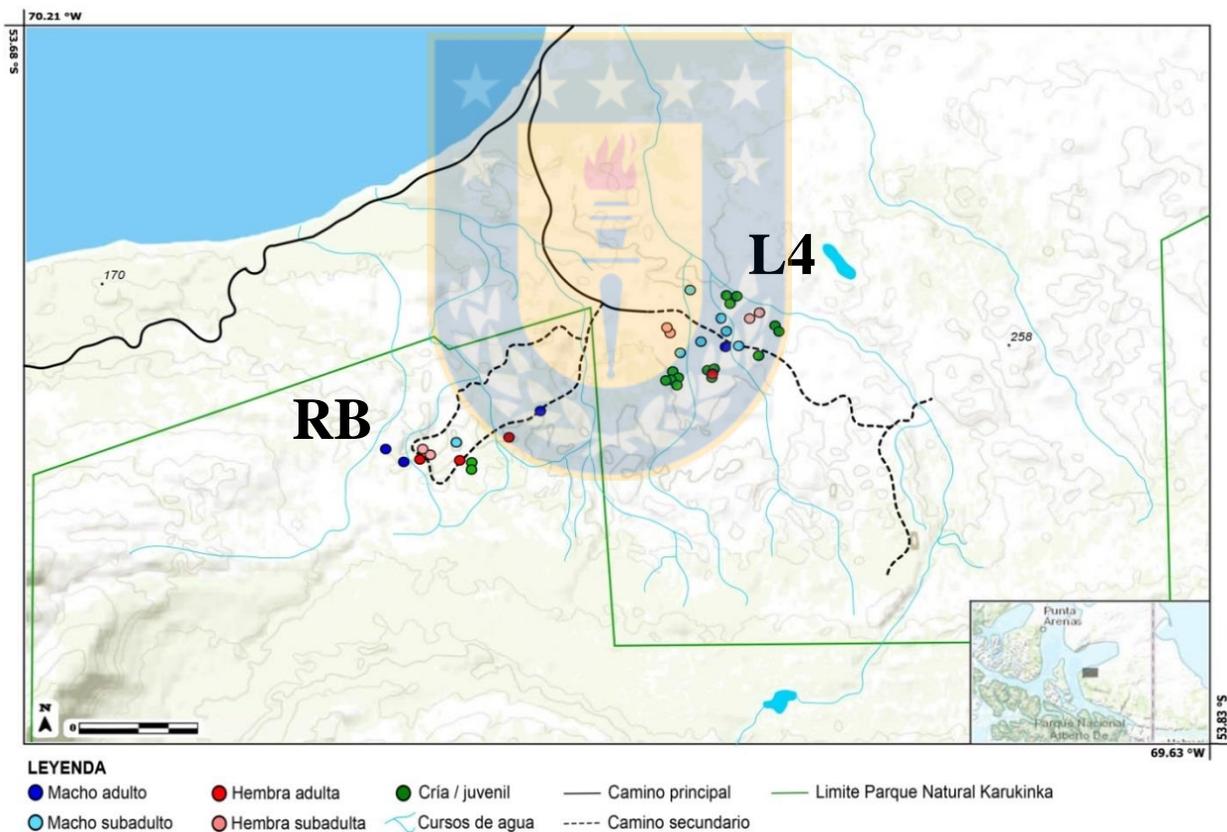


Figura 2.6 Mapa esquemático de la distribución de los sitios de captura en Timaukel, según sexo y rango etario. RB: Sector Río Bueno; L4: Sector Lote 4

Análisis de estructura social

Se georreferenciaron 21 sitios diferentes de colecta de ejemplares en el suroeste de TDF, debido a que cuando los animales fueron encontrados formando un grupo, fueron asignados con un solo punto geográfico. Estos sitios correspondieron a 7 puntos dentro del Parque Natural Karukinka (RB) y 14 fuera del área protegida (L4).

El 78.4% del total de ejemplares muestreados se encontró en grupos de dos o más ejemplares, identificando un total de ocho grupos (RB = 3; L4 = 5), con una media de 4.7 individuos por grupo. Las hembras se encontraron invariablemente formando parte de un grupo, principalmente como madres con lechones ($n = 4$). El grupo de hembras con menos integrantes estuvo compuesto por dos hermanas de 20 meses de edad cada una, ambas preñadas. El grupo con más integrantes se encontró en el sector L4 y estuvo compuesto por dos hembras medias hermanas (14 y 17 meses de edad), además de cinco crías de dos semanas de vida. Se encontraron además, ocho ejemplares machos solitarios (RB = 4; L4 = 4) de entre 17 y 72 meses de edad. Anecdóticamente, en dos oportunidades (agosto 2010, mayo 2011), se vio a un ejemplar macho adulto acompañado por un perro asilvestrado.

En la Tabla 2.9 se muestra la probabilidad de no-exclusión de paternidad mediante análisis de 11 marcadores polimórficos, donde la probabilidad combinada de exclusión de paternidad asignó a los padres más probables con una probabilidad de 98.5%. El valor promedio del coeficiente de parentesco fue de $r = 0.146 \pm 0.2$.

El análisis general de relación y parentesco de los animales cazados como fetos (obtenidos a partir de cuatro hembras) evidenció que el 70.3% de las relaciones no correspondió a padre/cría, hermanos o medio hermanos (considerando la relación de cada individuo respecto de todos los demás). Cuando existió relación de parentesco, esta correspondió en un 30.8% a relación padre/hijo, en un 29.8% a relación de medio hermano y un 29.8% a hermanos completos.

Tabla 2.9 Detalle de número de muestras incluyendo a todos los ejemplares muestreados en Timaukel + fetos ($n = 70$); contenido de información polimórfica (PIC); heterocigosidad observada y esperada (H_O , H_E); probabilidad de no-exclusión del primer padre (NE-1P); del segundo padre (NE-2P) y de ambos parentales (NE-PP); F: índice de fijación de Wright (F_{IS}); p : valor de significancia estadística de los desvíos del equilibrio HardyWeinberg (ns: no significativo; ***: $p < 0.001$)

Locus	N_A	PIC	H_O	H_E	NE-1P	NE-2P	NE-PP	F	p
SW936	3	0.354	0.400	0.426	0.911	0.810	0.701	0.0156	ns
SW857	3	0.505	0.686	0.590	0.828	0.700	0.557	-0.0889	ns
S0155	4	0.575	0.857	0.653	0.787	0.641	0.489	-0.1429	ns
S0226	4	0.462	0.271	0.529	0.858	0.724	0.576	0.3234	***
S0005	5	0.216	0.114	0.225	0.974	0.879	0.780	0.3775	nd
SW911	3	0.162	0.186	0.173	0.985	0.915	0.845	-0.0407	nd
S0026	2	0.285	0.271	0.347	0.941	0.857	0.773	0.1191	nd
SW632	3	0.524	0.614	0.612	0.815	0.685	0.541	-0.0048	ns
S0002	3	0.212	0.214	0.238	0.972	0.892	0.815	0.0466	nd
S0090	3	0.028	0.029	0.028	1.000	0.986	0.972	-0.0018	nd
SW240	3	0.424	0.271	0.475	0.889	0.752	0.608	0.2831	***

La Figura 2.7 representa la genealogía propuesta para la población de Timaukel, de acuerdo a la relación más probable (r) y considerando la fecha probable de cruce de los progenitores, donde destaca la participación que el ejemplar macho RB.30 tiene como reproductor alfa, siendo padre de al menos cuatro generaciones de crías, con una probabilidad de no-exclusión aleatoria promedio de 0.996. Este ejemplar posee mayores asignaciones de paternidad, además de reproducción tanto con hembras de RB como de L4. A su vez, posee al menos cinco asignaciones como hermano o medio-hermano de otros ejemplares, por lo tanto, a su vez, el padre de RB.30 también fue (o es) un importante reproductor en el suroeste de Isla Tierra del Fuego. Al menos tres ejemplares, RB.30, RB.31 y L4.17 se habrían reproducido con ejemplares muestreados en sector de la población, ya sea dentro o fuera del área protegida.

Al analizar los ejemplares *non natus*, ambas herramientas informáticas identificaron poligamia al asignar doble paternidad a los fetos de las hermanas L4.22 y L4.23 (20 meses de

edad). Siendo los machos hermanos L4.09 y L4.18 (20 y 19 meses de edad respectivamente) responsables de los fetos de L4.22 y concediendo a RB.31 y L4.09 (20 meses de edad) la paternidad de los fetos de L4.23. Con esto, los jóvenes machos L4.09 y L4.18 se identificaron como reproductores importantes para las generaciones más jóvenes, con al menos 2 y 3 cruzas respectivamente.

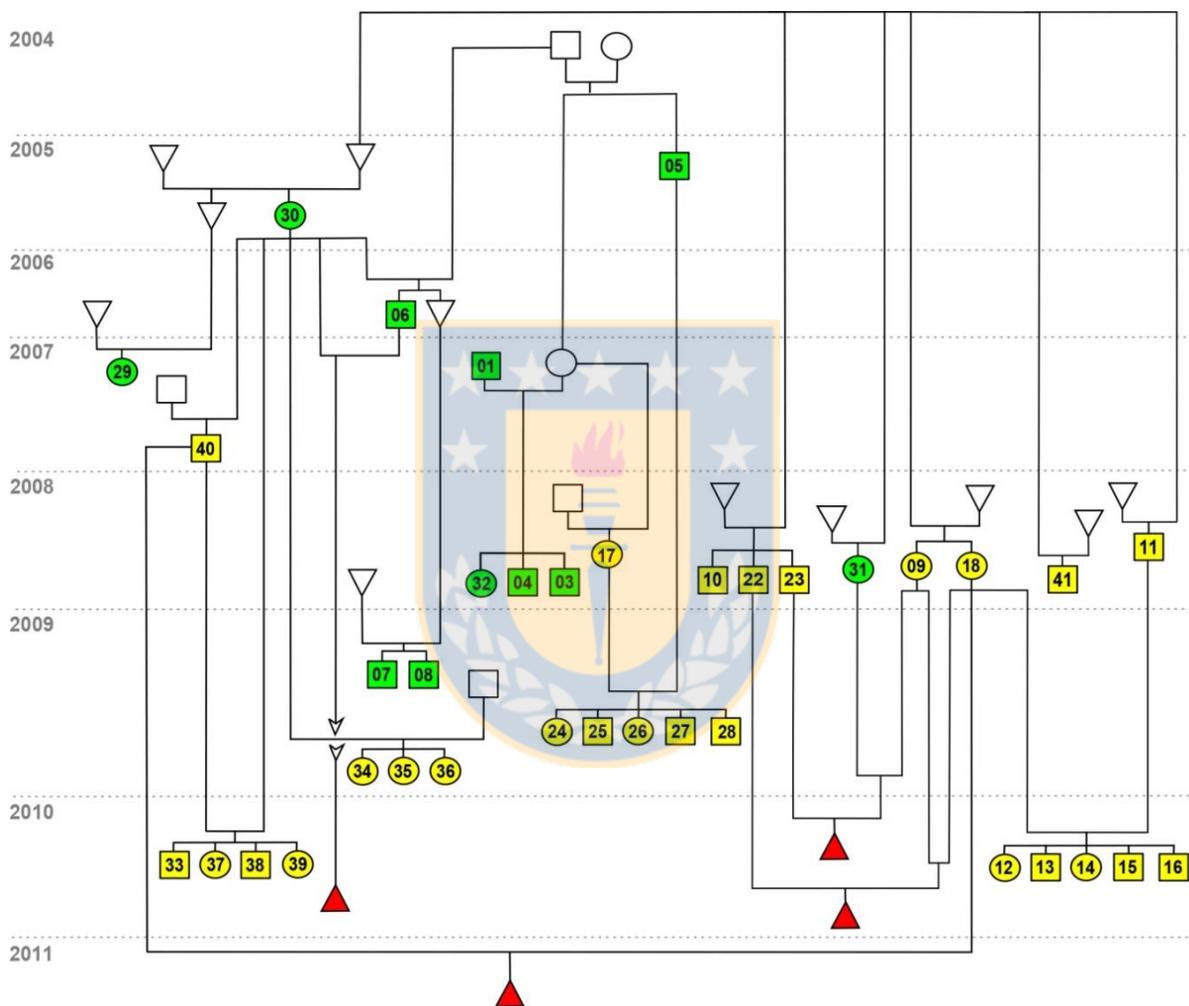


Figura 2.7 Esquema de la genealogía de los cerdos asilvestrados del Timaukel de Tierra del Fuego, Chile, inferida a partir de resultados de los programas ML-RELATE, CERVUS y datos de campo. Circulo: macho; cuadrado: hembra; triangulo invertido: animal no muestreado, de sexo desconocido; verde: RB; amarillo: L4; blanco: individuo no muestreado o incongruencia en la asignación de parentesco; triángulo rojo: fetos. Números identifican al individuo según orden en que fueron muestreados. No se incluyen los números 02, 19, 20, 21 y 42 por corresponder a la población Vicuña. Línea punteada separa los periodos probables de cruce, estimados a partir de la edad de los ejemplares

2.4.1 CEL y transectos

Los resultados obtenidos a partir del análisis de conocimiento ecológico local (CEL) y estudio de campo demuestran que tanto los lugareños, como personas no residentes en Isla Tierra del Fuego chilena, reconocen la existencia de cerdos asilvestrados en la zona Timaukel. Sin embargo, gran parte de los consultados (88%), desconocen la existencia de este invasor en su distribución de Vicuña. De acuerdo a la información obtenida, esto se debería a que la presencia de *Sus scrofa* en la zona de Vicuña no es permanente, sino que los animales se movilizan entre éste y otros territorios, aledaños a Estancia San Justo, Argentina, dependiendo de la disponibilidad de alimento y presión de caza ejercida en uno u otro país. Esto confirma lo descrito por Skewes (1990) y Reveillaud *et al.* (2008).

De acuerdo al análisis de transectos, encuestas y hallazgos de campo, solo se identificaron signos de la presencia de cerdos asilvestrados en las zonas Timaukel y Vicuña, tanto dentro como fuera del Parque Natural Karukinka, no obteniendo evidencia de campo de la presencia de cerdos asilvestrados en cualquier otra parte de Isla Tierra del Fuego chilena. Los hallazgos como hozadura, heces o avistamiento de animales estuvieron asociados principalmente a ex-caminos forestales y cursos de agua, siempre asociado a bosque nativo.

Al considerar los avistamientos e ejemplares y su rastro, según la época del año, se pudo observar que en la zona de Timaukel no existió un patrón del uso de hábitat, con ejemplares dentro o fuera del Parque, en distintas épocas del año. No se observó lo mismo en la zona SE Vicuña donde los ejemplares ingresan a Chile esporádicamente, y aparentemente asociado a la búsqueda de recursos y como respuesta a la presión de caza. En otras distribuciones de la especie, se han encontrado importantes patrones de migración estacional asociados principalmente a sequía y búsqueda de recursos alimenticios (Choquenot *et al.*, 1996; Mitchell *et al.*, 2009). Sin embargo, Tierra del Fuego parece aportar los requerimientos básicos para el mantenimiento de la especie sin necesidad de migrar estacionalmente.

2.4.2 Diversidad genética

A partir de los resultados del análisis de la región control del ADNmt y de 12 microsatélites nucleares, se pudo indagar, evaluar y cuantificar la variabilidad genética existente en los cerdos asilvestrados de las dos zonas geográficas con presencia de esta exótica, en isla Tierra del Fuego chilena.

El número promedio de alelos por locus ($N_A = 4.37$) fue relativamente similar a lo encontrado en poblaciones del noroeste australiano por Spencer *et al.* (2005) y Cowled *et al.* (2006) mediante análisis de 13 y 14 locus microsatélites respectivamente. Sin embargo, fue un 46% y 62% menor a lo obtenido por Hampton *et al.* (2004b) y Cowled *et al.* (2008) en las zonas este y suroeste de Australia. Cowled *et al.* (2008) identificaron la mayor diversidad alélica en los loci S0005 ($N_A = 23$), S0068 ($N_A = 16$), SW240 y SW632 ($N_A = 14$ c/u), mientras que en nuestros ejemplares la mayor diversidad estuvo en SW936 (no analizado por Cowled *et al.*, 2008), S0005 y S0026 con $N_A = 6$ para cada uno de ellos. Destaca la presencia de monomorfismo del locus SW951, no evidenciado en las poblaciones australianas (ejemplo Hampton *et al.*, 2004b, Spencer *et al.*, 2005; Cowled *et al.*, 2006–2008). Sin embargo, un caso similar fue descrito por Fan *et al.*, (2005) al analizar 26 loci microsatélites de 21 suinos capturados en Islas Auckland (Nueva Zelanda), con un promedio de $N_A = 3.65$, donde los loci S0228 y S0355 (no analizados en TDF) fueron monomórficos.

En los individuos asilvestrados de TDF, se observó además una moderada diversidad genética global ($H_E = 0.47$) e intrapoblacional (Timaukel $H_E = 0.39$; Vicuña $H_E = 0.52$), prácticamente igual a la obtenida por Fan *et al.* (2005), e inferior a la encontrada en otras poblaciones asilvestradas, analizando prácticamente los mismos loci (ejemplo Hampton *et al.*, 2004b H_E : 0.680; Spencer *et al.*, 2005 H_E : 0.641; Cowled *et al.*, 2008 H_E : 0.752).

El limitado tamaño poblacional efectivo estimado para los cerdos asilvestrados de Timaukel (~200 ejemplares) está al menos un 50% por debajo de lo encontrado por Hampton *et al.* (2004b) y Cowled *et al.* (2008) en poblaciones del sur de Australia ($N_e = 466$ – 1.477), y un 99% inferior a lo descrito por Waithman *et al.* (1999) para California, Estados Unidos ($N_e = 106.485$ – 159.727). Estimamos que tanto el limitado N_e estimado para la población de

Timaukel cómo la menor diversidad genética respecto de otras poblaciones de esta invasora, puede estar relacionado a un cuello de botella derivado del efecto que tuvieron intensos episodios de caza en el pasado y que actualmente ejercen los cazadores locales, además de los costos de adaptación asociados al clima riguroso y disponibilidad de alimento (principalmente en el periodo invernal) sobre poblaciones que se crearon a partir de un pequeño número de fundadores (Skewes, 1990); y considerando además que no se evidencian nuevas introducciones en el área (detalles en Capítulo 1). Aunque no existen antecedentes de depredación sobre las crías por perros asilvestrados, zorros, rapaces o canibalismo en el área de estudio, esta hipótesis también debe ser evaluada (ejemplo Tisdell, 1982; Pavlov, 1991; Roemer *et al.*, 2001).

Se debe considerar además que, de acuerdo a lo esperado para poblaciones que surgen a partir de un pequeño grupo de progenitores y donde sólo algunos machos participan del acervo genético de la población, el índice de endogamia fue positivo, aunque levemente ($F_{IS} = 0.107$), al igual que lo hallado en cerdos asilvestrados de Australia e Islas Auckland (Hampton *et al.*, 2004; Spencer *et al.*, 2005; Cowled *et al.*, 2008). La modesta variabilidad genética detectada es inferior a lo encontrado en la mayoría de las poblaciones asilvestradas, incluso en islas o núcleos de cría de razas domésticas o autóctonas europeas (ejemplo Laval *et al.*, 2000; Alves *et al.*, 2006; Spencer *et al.*, 2005), lo que sugiere que los cerdos asilvestrados de TDF se habrían visto afectados por los efectos de la estocasticidad genética (Frankham *et al.*, 2003; O'Grady *et al.*, 2006).

2.4.3 Estructura genética

En Tierra del Fuego chilena se reconocen dos núcleos poblacionales independientes denominados Timaukel y Vicuña, ubicados en los extremos Este y Oeste del Parque Natural Karukinka (y alrededores), separados entre sí por 94.5 km. Comprobamos diferencias genéticas importantes ($F_{ST} = 0.257$ y $R_{ST} = 0.262$, $p < 0.05$) entre los cerdos asilvestrados de ambas distribuciones. Las diferencias genéticas demostradas mediante análisis de marcadores mitocondriales y nucleares, fueron superiores a las encontradas en otras poblaciones asilvestradas, las cuales carecen de una estructura definida, principalmente debido a que las condiciones ambientales han favorecido la expansión demográfica de esta especie en otras

distribuciones, permitiendo la colonización de nuevas áreas (ejemplo Hampton *et al.*, 2004; Spencer *et al.*, 2005; Cowled *et al.*, 2008). Nuestros resultados, a través del análisis de campo y molecular, no reconocen eventos de migración natural entre poblaciones o translocación humano – mediada, como ha ocurrido en otras distribuciones de la especie (ejemplo Gipson *et al.*, 1997; Spencer y Hampton, 2005; McCann, 2012).

Al contrario de lo que sucede en Australia y Estados Unidos, la densidad poblacional humana en la parte chilena del sur de Tierra del Fuego es muy baja (0.09 hab/km²), con limitada migración humana desde continente y, por consiguiente, con menores probabilidades de translocación de ejemplares que puedan abastecer con variabilidad genética a esta población invasora en el futuro.

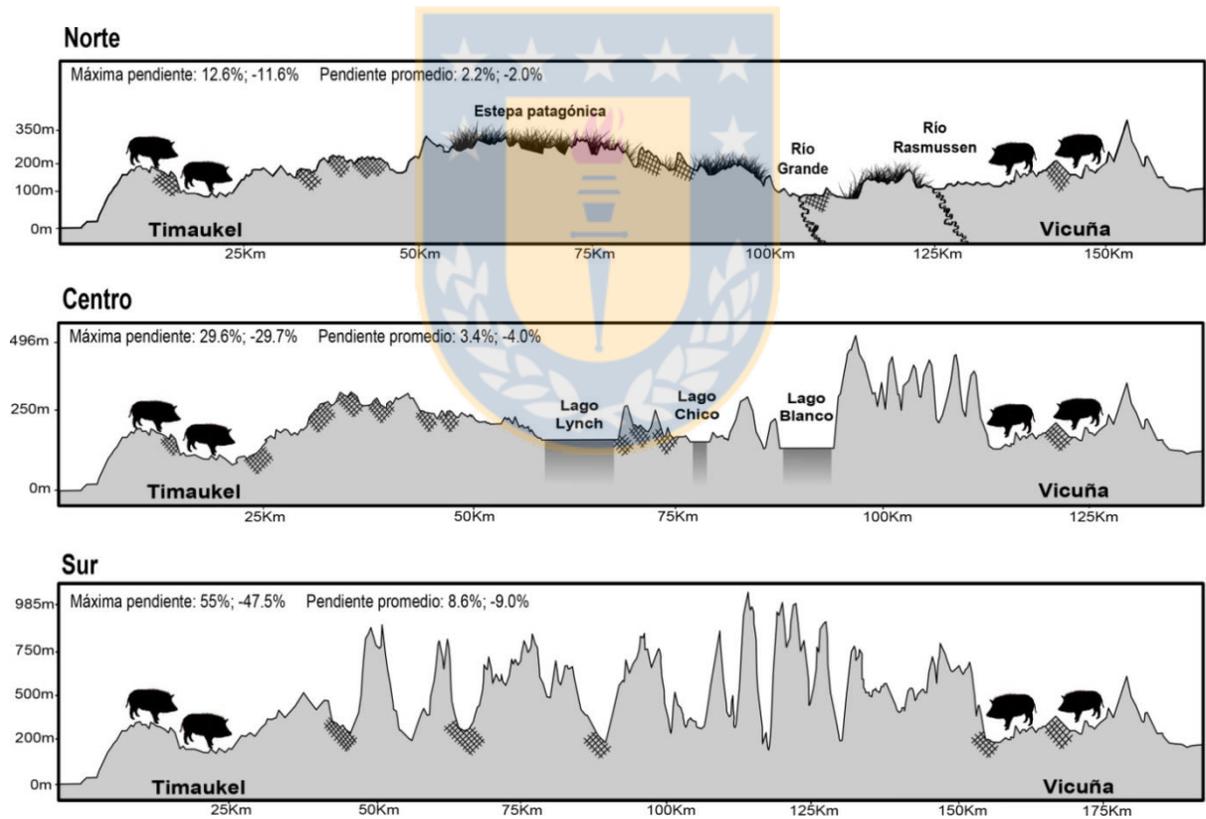


Figura 2.8 Diagrama del perfil topográfico interpretativo de las zonas norte, centro y sur del Parque Natural Karukinka. En los extremos del diagrama se representan ambas poblaciones asilvestradas. Las áreas achuradas representan extensas zonas de turba

La topografía de Karukinka es muy variada (Figura 2.8 y Anexo I), pudiendo ser la responsable de limitar el acercamiento entre las poblaciones de Timaukel y Vicuña constituyendo una barrera natural. Debido a que la cobertura del suelo se ha identificado como un factor importante para el flujo genético de varias especies vertebradas (Balkenhol *et al.*, 2009; Storfer *et al.*, 2010), se debe considerar que la cubierta vegetal en Karukinka Norte es de menor calidad que la encontrada en los bosques de Timaukel, en cuanto a disponibilidad de refugio y alimento, predominando vastos territorios de estepa patagónica (<50 cm) de baja calidad nutricional, sin árboles, con bajas temperaturas y fuerte influencia del viento (Zamora y Santana, 1979; Montade, 2011).

En la zona central del Parque predominan los bosques de hoja caduca y de hoja perenne, turberas, ríos y lagos (Meglioli, 1992; Tapia, 2010), pero una gran parte de su superficie está compuesta de turba, de baja calidad nutricional, que puede ser muy suave y saturada de agua, con profundidades que van desde 30 centímetros hasta 3 metros (Roing y Roing, 2004; Iturraspe, 2010). Hacia el sur predominan los ecosistemas montañosos y turberas (Menichetti *et al.*, 2008), con vegetación dominada por los bosques de *Nothofagus sp.* y estepa de gramíneas y arbustos bajos, adaptados a las bajas temperaturas, sequedad y viento, en las áreas desprovistas de nieve, con abundantes lluvias y alturas que superan los 1000 msnm y con pendientes de alrededor del 40% (Rabassa *et al.*, 2000; Tapia, 2010). McIlroy (1989) describe un hábitat muy similar al sur de Tierra del Fuego en la zona de Monte Harte cerca de Murchison, Nueva Zelanda, donde los animales habitaron territorios con predominio de pastos y helechos (62.4%) y bosques mixtos de *Nothofagus sp.* (37%).

Se desconoce el efecto que puedan tener los importantes cursos de agua como los lagos Lynch, Blanco y Chico, los ríos Rasmussen y Grande, las extensas turberas y las pendientes pronunciadas del sur de Tierra del Fuego, como barreras a la dispersión de la especie, aunque se sugiere que podrían dirigir el desplazamiento de los individuos en caso de futuras migraciones, como lo fue por ejemplo el Río Congaree para las poblaciones de la zona central de Carolina del Sur, en Estados Unidos (Friebel, 2007). Las divergencias tróficas asociadas al hábitat natural de los cerdos asilvestrados de TDF se analizan en detalle en el Capítulo 3 de este escrito.

Estructura intrapoblacional

Los resultados del Test de Mantel y algoritmo de Monmonier confirman que no existen barreras geográficas a la reproducción entre los individuos dentro y fuera del Parque en el suroeste de TDF, corresponden a terrenos colindantes entre sí, distanciados en 5.5 km y parcialmente separados por cercado de madera o alambre, permitiendo el paso de animales dentro y fuera de Karukinka. No obstante, al analizar el flujo genético intrapoblacional en la distribución SO se evidencia una barrera genética que distingue a tres machos (del núcleo L4) del resto de la población. Así también, separa a las hembras y sus crías de los ejemplares machos en el núcleo RB. Esto demuestra que la comunicación entre ambos núcleos poblacionales (RB y L4) del suroeste de Tierra del Fuego, está dada principalmente por el movimiento de los machos subadultos y adultos. Esto se condice con lo descrito por Mauget (1981) y Graves (1984), acerca del tamaño y rango de hogar de los cerdos en estado silvestre, señalando que estaría directamente relacionado con la disponibilidad de los recursos naturales y organización social.

A pesar que *Sus scrofa* es capaz de ocupar una gran variedad de hábitats (Caley, 1993; Saunders y McLeod, 1999; Sparklin *et al.*, 2009) y de cubrir distancias de hasta 50 km a una velocidad promedio de 1 km/día en busca de alimento, agua y/o refugio (Choquenot *et al.*, 1996), los cerdos asilvestrados han sido comúnmente descritos como animales sedentarios, que en ausencia de perturbaciones importantes como la cacería intensa, depredación, o pérdida importante de recursos, evitan desplazarse fuera de su lugar de nacimiento (ejemplo Sparklin *et al.*, 2009; Keuling *et al.*, 2010). La misma conducta sedentaria identificada en las hembras de TDF, ha sido descrita en las poblaciones asilvestradas de Australia, aun cuando estaban separadas por unos pocos kilómetros (Hampton *et al.*, 2004a). Sólo en ambientes con marcada estacionalidad en la disponibilidad de alimentos y agua, los cerdos se comportaron como grupos relativamente nómades (Mauget, 1981; Graves, 1984; Choquenot *et al.*, 1996).

Estructura social

El tamaño promedio de 4.7 ejemplares por grupo de animales fue levemente superior al promedio de 4.1 cerdos reportado por Spencer *et al.* (2005), y superior a lo descrito por Choquenot *et al.* (1996) y Gabor *et al.* (1999), quienes identificaron un promedio de 3.9

cerdos por grupo. A pesar que este bajo número de individuos encontrados en los grupos refuerza la propuesta de Spencer *et al.*, (2005), quién sugiere que podría corresponder a una estrategia frente a la competencia por recursos, consideramos que para efectos de la población de TDF (donde no existen grandes depredadores carnívoros), las adversidades climáticas también pueden jugar un rol primordial en la sobrevivencia de las crías, principalmente al primer invierno. Esto podría estar representado por la menor proporción de hermanos que logran sobrevivir el primer año, con un promedio de 2.75 v/s el número promedio de 4.67 lechones hermanos (≤ 7 meses) encontrados.

Considerando la composición de los grupos, estos se conforman de manera similar a lo visto en otras distribuciones como Australia y Estados Unidos, e incluso en su antecesor el jabalí (Rosell *et al.*, 2004), donde los suinos formaron múltiples grupos matriarcales compuestos por 2 a 4 hembras con sus camadas, con un rango de dispersión tan variable como 3 y 30 km² (Hone, 2012). Los machos se apartan de los grupos familiares a partir de los 7 u 8 meses de edad, para desarrollar su vida en pequeños grupos hasta alcanzar la madurez sexual (Choquenot *et al.*, 1996). Estos machos desarrollaron su vida en solitario con rangos de dispersión que incluso sobrepasaron los 50 km², acercándose a los grupos matriarcales sólo para reproducirse (Tisdell, 1982; Graves, 1984; Taylor *et al.*, 1998). Esto podría explicar el movimiento de los machos entre los núcleos RB y L4.

Estimamos que el reconocimiento de RB.30 como macho alfa reproductor puede estar asociado a los mecanismos sociales del celo y el comportamiento sexual en los cerdos, donde las relaciones sociales entre los ejemplares adultos y las señales que envían pueden inhibir así como fomentar el apareamiento (Gabor *et al.*, 1999). Dependiendo de la experiencia social de los machos y sus características físicas, un ejemplar puede desencadenar la sensación de miedo en machos más inexpertos o más jóvenes, evitando el enfrentamiento agonístico y asegurando la reproducción con la mayor cantidad de hembras (Fernández Llarío *et al.*, 1996). Complementariamente, los ejemplares con mejor fitness generarán crías con mayores capacidades de sobrevivir en el tiempo (Gabor *et al.*, 1999).

De acuerdo a Pedersen (2007), los estímulos sociales entre suidos de ambos sexos y entre las hembras tienden también a inducir y sincronizar el estro y la ovulación, lo que explicaría el estado de preñez de las hembras hermanas de un mismo grupo al mismo tiempo (L4.22 y L4.23). La paternidad múltiple ha sido muy controversial en otros análisis reproductivos de *Sus scrofa*, ya sea como jabalí o cerdo asilvestrado (Aguilera-Reyes *et al.*, 2006; Delgado *et al.*, 2008; Poltreux *et al.*, 2009). No obstante, Barrett (1978) realiza observaciones de campo de varios machos reproduciéndose con la misma hembra durante un ciclo estral en cerdos asilvestrados de California. Lo corroboraron más tarde Delgado-Acevedo *et al.* (2010) detectando paternidad múltiple en el 33% de 64 camadas de cerdos asilvestrados del sur de Texas, mediante análisis de microsatélites. Se asume que una gama de condiciones ligadas a la sincronización de estro sería el principal motivo de este ejercicio en los suinos, no siendo impulsado únicamente por la capacidad de machos monopolizar las hembras (Fraser *et al.*, 1995; Delgado-Acevedo *et al.*, 2010).

Finalmente, consideramos que la incapacidad de reconocer a todos los ejemplares padres o tener más claridad respecto de la genealogía de la población de Timaukel, se debió principalmente a tres factores: 1) los machos adultos de esta especie poseen un mayor rango de hogar respecto de hembras y crías (Choquenot *et al.*, 1996) y estuvieron menos expuestos a ser cazados, 2) los ejemplares adultos que han sobrevivido a episodios de caza anteriores pudieron estar más preparados para detectar la presencia humana y esquivar al equipo de cazadores y 3) las hostiles condiciones geoclimáticas del ambiente fueguino disminuyó las posibilidades de éxito de los cazadores.

Referencias Capítulo 2

- Aguilera-Reyes U, Zavala-Páramo G, Valdez-Alarcón JJ, Cano-Camacho H, García-López GI y Pescador-Salas N (2006) Multiple mating and paternity determinations in domestic swine (*Sus scrofa*). *Animal Research* 55: 409–417
- Aguirre-Muñoz A, Croll DA, Donlan CJ, Hermosillo MA, Howald GR, Keitt BS, Luna-Mendoza L, Rodríguez-Malagan M, Salas-Flores LM, Samaniego-Herrera A, Sanchez-Pacheco JA, Sheppard J, Tershy BR, Toro-Benito J, Wolf S y Wood S (2008) High-impact conservation action: invasive mammal eradication from the islands of western Mexico. *Ambio* 37: 101–107
- Alexander L, Rohrer G y Beattie C (1996) Cloning and characterisation of 414 polymorphic porcine microsatellites. *Animal Genetics* 27: 137–148
- Alves E, Fernández AI, Barragán C, Óvilo C, Rodríguez C y Silió L (2006) Inference of hidden population substructure of the Iberian pig breed using multilocus microsatellite data. *Spanish Journal of Agricultural Research* 4: 37–46
- Aranda M (2000) Huellas y otros rastros de los mamíferos grandes y medianos de México. Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad e Instituto de Ecología, A. C. Xalapa, Veracruz, Mexico. 212 pp
- Balkenhol N, Gugerli F, Cushman SA, Waits LP, Coulon A, Arntzen JW, Holderegger R y Wagner HH (2009) Identifying future research needs in landscape genetics: where to from here? *Landscape Ecology*. 24: 455–463
- Barrett RH (1978). The feral hog at Dye Creek Ranch, California. *Hilgardia* 46: 283–355
- Benítez OW y Sánchez DM (2001) Los cerdos criollos en América Latina. En: FAO (ed.) Los cerdos locales en los sistemas tradicionales de producción. *Estudio FAO Producción y Sanidad Animal* 13: 35
- Brouns G, De Wulf A y Constaes D (2003) Delaunay triangulation algorithms useful for multibeam echosounding. *Journal of Surveying Engineering* 129: 79–84
- Bujalesky G (2007) Coastal geomorphology and evolution of Tierra del Fuego (Southern Argentina). *Acta Geologica* 5: 337–362
- Caley P (1997) Movements, activity patterns, and habitat use of feral pigs (*Sus scrofa*) in a tropical habitat. *Wildlife Research* 24: 77–87
- Campbell T y Long D (2009) Feral swine damage and damage management in forest ecosystem. *Forest Ecology and Management* 257: 2319–2326
- Carrion V, Donlan CJ, Campbell KJ, Lavoie C y Cruz F (2011) Archipelago-wide island restoration in the Galápagos Islands: reducing costs of invasive mammal eradication programs and reinvasion risk. *PLoS One* 6:e18835
- Choquenot D, McIlroy J y Korn T (1996) Managing vertebrate pests: feral pigs. Bureau of Resource Sciences, Canberra, Australian Publishing Service, Canberra, Australian Capital Territory, Australia
- Coppieters V, Van de Weghe A, Peelman L, Depicker A, Van Zeveren A y Bouquet T (1993) Characterization of porcine polymorphic microsatellite loci. *Animal Genetics* 24: 163–170
- Corander J, Marttinen P, Sirén J y Tang J (2008) Enhanced Bayesian modelling in BAPS software for learning genetic structures of populations. *BMC Bioinformatics* 9: 539

- Cowled BD, Aldenhoven J, Odeh IOA, Garrett T, Moran C y Lapidge SJ (2008) Feral pig population structuring in the rangelands of eastern Australia: applications for designing adaptive management units. *Conservation Genetics* 9: 211–224
- Cowled BD, Lapidge SJ, Hampton JO y Spencer PBS (2006) Measuring the demographic and genetic effects of pest control in a highly persecuted feral pig population. *Journal of Wildlife Management* 70: 1690–1697
- Delgado–Acevedo J, Zamorano A, DeYoung RW, Campbell TA, Hewitt DG y Long DB (2010) Promiscuous mating in feral pigs (*Sus scrofa*) from Texas, USA. *Wildlife Research* 37: 539–546
- Delgado R, Fernández–Llario P, Azevedo M, Beja–Pereira A y Santos P (2008) Paternity assessment in free-ranging wild boar (*Sus scrofa*) – Are littermates full–sibs? *Mammalian Biology – Zeitschrift für Säugetierkunde* 73: 169–176
- Diniz–Filho JAF, Soares TN, Lima JS, Dobrovolski R, Landeiro VL, de C Telles MP, Rangel TF y Bini LM (2013) Mantel test in population genetics. *Genetics and Molecular Biology* 36: 475–485
- Diong (1973) Studies of the Malayan wild pig in Perak and during the Oligocene and Johore. *Malayan Naturalist Journal* 26: 120–151
- Do C, Waples RS, Peel D, Macbeth GM, Tillet BJ y Ovenden JR (2014) NeEstimator V2: re–implementation of software for the estimation of contemporary effective population size (N_e) from genetic data. *Molecular Ecology Resources* 14(1): 209–214
- Donlan CJ (2008) Rewilding the islands. En: Guynup S (Ed). State of the wild 2008: a global portrait of wildlife, wildlands, and oceans. Washington, DC: Island Press.
- Drake JA, Mooney HA, di Castri E, Groves RH, Kruger EJ, Rejmanek M y Williamson M, editors (1989) Biological invasions. A global perspective. John Wiley & Sons, Chichester, England
- Ellegren H, Johansson M, Chowdhary B, Marklund S, Ruyter D, Marklund L, Braeuner–Nielsen P, Edfors–Lilja I, Gustavsson I, Juneja RK y Andersson L (1993) Assignment of 20 microsatellite markers to the porcine linkage map. *Genomics* 16(2): 431–439
- Ellegren H, Chowdhary B, Johansson M, Marklund L, Fredholm M, Gustavsson I y Andersson L (1994) A primary linkage map of the porcine genome reveals a low rate of genetic recombination. *Genetics* 137: 1089–1100
- Excoffier L y Lischer HEL (2010) Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources* 10: 564–567
- Fan B, Gongora J, Chen Y, Garkavenko O, Li K y Moran C (2005) Population genetic variability and origin of Auckland Island feral pigs. *Journal of the Royal Society of New Zealand* 35(3): 279–285
- Fernández–Llario P, Carranza J y Hidalgo de Trucios SJ (1996) Social organization of the wild boar (*Sus scrofa*) in Doñana National Park. *Miscellanea Zoologica* 19: 9–18
- Frankham R. (2003) Genetics and conservation biology. *Comptes Rendus Biologies* 326: S22–S29
- Frantz AC, Cellina S, Krier A, Schley L y Burke T (2009) Using spatial Bayesian methods to determine the genetic structure of a continuously distributed population: clusters or isolation by distance? *Journal of Applied Ecology* 46: 493–505

- Fraser D, Kramer DL, Pajor EA y Weary DM (1995) Conflict and cooperation: sociobiological principles and the behaviour of pigs. *Applied Animal Behaviour Science* 44: 139–157
- Fredholm M, Wintero AK, Christensen K, Kristensen, Nielsen PB, Fries R, Eggen A y Stranzinger G (1993) The Bovine genome contains polymorphic microsatellites. *Genomics* 8: 403–406
- Friebel BA (2007) Home range and habitat use of feral hogs (*Sus scrofa*) in Congaree National Park. M.S. Thesis, Clemson University, Clemson, South Carolina
- Gabor TM, Hellgren EC, Van Den Bussche RA y Silvy NJ (1999) Demography, sociospatial behaviour and genetics of feral pigs in a semi-arid environment. *Journal of Zoology, London* 247: 311–322
- Gerding V y Thiers O (2002) Caracterización de suelos bajo bosques de *Nothofagus betuloides* (Mirb) Blume, en Tierra del Fuego, Chile. *Revista Chilena de Historia Natural* 75: 819–833
- Gipson PS, Hlavachick B, Berger T y Lee CD (1997) Explanations for recent range expansions by wild hogs into midwestern states. *Great Plains Wildlife Damage Control Workshop* 13: 148–150
- Gong W, Sinden J, Braysher M y Jones R (2009) The economic impacts of vertebrate pests in Australia. Invasive Animals Cooperative Research Centre, Canberra. pp 8–27
- Graves HB (1984) Behaviour and ecology of wild and feral swine (*Sus scrofa*). *Journal of Animal Science* 58: 482–492
- Gutierrez J (1995) Estudio en el Sureste de Mexico Mediante dos Transectos. 4th International Congress of the Brazilian Geophysical Society
- Hampton J, Pluske J y Spencer P (2004a) A preliminary genetic study of the social biology of feral pigs in south-western Australia and the implications for management. *Wildlife Resources* 31: 375–381
- Hampton J, Spencer P, Alpers D, Twigg L, Woolnough A, Doust J, Higgs T y Pluske J (2004b) Molecular techniques, wildlife management and the importance of genetic populations structure and dispersal: a case study with feral pigs. *Journal of Applied Ecology* 41: 735–743
- Henríquez JC (2004) Estado de la Turba esfangosa en Magallanes. En: Blanco D, de la Balze VM (eds). Los turbales de la Patagonia: Bases para su inventario y la conservación de su biodiversidad. Publicación número 19. Buenos Aires, Argentina. Wetlands Internacional 93–103
- Hone H (2012) Applied population and community ecology: the case of feral pigs in Australia. Wiley–Blackwell, Oxford
- Iturraspe R (2010) Las turberas de Tierra del Fuego y el cambio climático global. Fundación Humedales / Wetlands International. Buenos Aires, Argentina. 26 pp
- Kalinowski ST, Taper ML y Marshall TC (2007) Revisar cómo el programa informático CERVUS acomoda genotipo error aumenta el éxito en la asignación de paternidad *Molecular Ecology* 16: 1099–1106
- Kalinowski ST, Wagner AP y Taper ML (2006) ML-Relate: a computer program for maximum likelihood estimation of relatedness and relationship. *Molecular Ecology Notes* 6: 576–579
- Keuling O, Lauterbach K, Stier N y Roth M (2010) Hunter feedback of individually marked wild boar *Sus scrofa* L.: dispersal and efficiency of hunting in northeastern Germany. *European Journal of Wildlife Research* 56: 159–167

- Laval G, Iannuccelli N, Legault C, Milan D, Groenen MAM, Giuffra E, Andersson L, Nissen PH, Jørgensen CB, Beechmann P, Geldermann H, Fouliey JL, Chevalet C, Ollivier L (2000) Genetic diversity of eleven European pig breeds. *Genetics, Selection, Evolution* 32: 187–203
- Librado P y Rozas J (2009) DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics* 25: 1451–1452
- Lowden S, Finlayson H, Macdonald A, Downing A, Goodman S, Leus K, Kaspe L, Wahyuni E y Archibald A (2002) Application of *Sus scrofa* microsatellite markers to wild suiformes. *Conservation Genetics* 3: 347–350
- Mantel N (1967) The detection of disease clustering and a generalized regression approach. *Cancer Research* 27: 209–220
- Massei G, Genov PV, Staines B, Gorman ML (1997) Factors influencing home range and activity of wild boar (*Sus scrofa*) in a Mediterranean coastal area. *Journal of Zoology* 242: 411–423
- Matschke GH (1967) Aging european wild hogs by dentition. *Journal of Wildlife Management* 31: 109–113
- Mauget R (1981) Behavioral and reproductive strategies in wild forms of *Sus scrofa* (European wild boar and feral pigs). En: W. Sybesma (Ed.) *The Welfare of Pigs*. pp 3–13
- McCann BE (2012) Genetic relationships of wild pigs (*Sus scrofa*) in the United States: geographic origins and genotypic distribution of the species with implications for management. Doctoral Dissertation, University of North Dakota, Grand Forks, North Dakota, USA
- McIlroy JC (1989) Aspects of the ecology of feral pigs (*Sus scrofa*) in the Murchison Area, New Zealand. *New Zealand Journal of Ecology* 12: 11–22
- Megliogi A (1992) Glacial geology and chronology of southernmost Patagonia and Tierra del Fuego, Argentina and Chile. PhD thesis. Lehigh University, USA. 216 p
- Menichetti M, Lodolo E y Tassone A (2008) Structural geology of the Fuegian Andes and Magallanes fold-and-thrust belt–Tierra del Fuego Island. *Acta Geologica* 6(1): 19–42
- Miller M (2005) Alleles In Space: Computer software for the joint analysis of interindividual spatial and genetic information. *Journal of Heredity* 96: 722–724
- Mitchell J, Dorney W, Mayer R y McIlroy J (2009) Migration of feral pigs (*Sus scrofa*) in rainforests of north Queensland: fact or fiction? *Wildlife Research* 36: 110–116
- Montade V, Nebout NC, Kissel C y Mulsow S (2011) Pollen distribution in marine surface sediments from Chilean Patagonia. *Marine Geology* 282: 161–168
- Nogueira-Filho S, Nogueira SC, y Frangoso JM (2009) Ecological impacts of feral pigs in the Hawaiian Islands. *Biodiversity and Conservation* 18: 3677–3683
- O’Grady JJ, Brook BW, Reed DH, Ballou JD, Tonkyn DW y Frankham R (2006) Realistic levels of inbreeding depression strongly affect extinction risk in wild populations. *Biological Conservation* 133: 42–51
- Pavlov PM, Crome FHJ y Moore LA (1992) Feral pigs, rainforest conservation and exotic disease in North Queensland. *Wildlife Research* 9:179–193
- Peakall R y Smouse PE (2012) GenAIEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research – an update. *Bioinformatics* 28: 2537–2539
- Pedersen LJ (2007) Sexual behavior in female pigs. *Hormones Behav* 52: 64–69
- Pisano E (1977) Fitogeografía de Fuego–Patagonia Chilena. I. Comunidades vegetales entre las latitudes 52° y 56°S. *Anales del Instituto de la Patagonia* 8:121–250

- Poteaux C, Baubet E, Kaminski G, Brandt S, Dobson FS y Baudoin C (2009) Socio-genetic structure and mating system of a wild boar population. *Journal of Zoology* 278:116–125
- Pritchard JK, Wena X y Falushb D (2009) Documentation for structure software: Version 2.3
- Rabassa J, Coronato A, Bujalesky G, Salemme M, Roig C, Meglioli A, Heusser C, Gordillo S, Roig F, Borrromei A y Quattrocchio M (2000) Quaternary of Tierra del Fuego, Southernmost South America: an updated review. *Quaternary International* 68: 217–240
- Reveillaud E, Rives G, Muza R y Briceño C (2008) Invasión de Cerdos en Karukinka, Tierra del Fuego, Chile. LI Reunión Anual de la Sociedad de Biología de Chile. Pucón, Chile
- Robic M, Woloszyn N, Milan D, Riquet J y Gellin J (1994) Isolation of 28 new porcine microsatellites revealing polymorphism. *Mammalian Genome* 5: 580–583
- Roemer GW, Donlan CJ y Courchamp F (2002) Golden eagles, feral pigs and island foxes: how exotic species turn native predators into prey. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA* 99: 791–796
- Rohrer GA, Alexander LJ, Keele JW, Smith TP y Beattie CW (1994) A microsatellite linkage map of the porcine genome. *Genetics* 136: 231–245
- Roig C y Roig FA (2004) Consideraciones generales 2–21. En: D. Blanco y V. De la Balze (Eds.). Los turbales de la Patagonia. Bases para su inventario y conservación de la biodiversidad. Wetlands International, publicación N° 19, Buenos Aires
- Rosell C, Nava's F, Romero S y de Dalmases I (2004) Activity patterns and social organization of wild boar (*Sus scrofa*, L.) in a wetland environment: preliminary data on the effects of shooting individuals. *Galemys* 16: 157–166
- Rousset F (2008) GENEPOP '007: a complete re-implementation of the GENEPOP software for Windows and Linux. *Molecular Ecology Resources* 8: 103–106
- Ryman N y Leimar O (2009) GST is still a useful measure of genetic differentiation – a comment on Jost's D. *Molecular Ecology* 18: 2084–2087
- Saavedra B, Simonetti J y Redford K (2011) Private Conservation, the example that the Wildlife Conservation Society builds from Tierra del Fuego. En: Biodiversity Conservation in the Americas: Lessons and Policy Recommendations (Ed: E. Figueroa) pp 506 (Fen-Universidad de Chile: Chile)
- Saunders G y McLeod S (1999) Predicting home range size from the body mass or population densities of feral pigs, *Sus scrofa* (Artiodactyla: Suidae). *Australian Journal of Ecology* 24: 538–543
- Schuelke M (2000) An economic method for the fluorescent labeling of PCR fragments. *Nature Biotechnology* 18: 233–234
- Simberloff D (1996) Impacts of Introduced Species in the United States. *Consequences: the Nature and Implication of Environmental Change* 2(2): 13–22
- Skewes O (1990) Status des Wildschweins, *Sus scrofa* L., in Chile. Dokumentation einer Fremdansiedlung von Europäischen Wild. PhD Thesis. Georg-August Universität Göttingen, Germany. pp 249
- Skewes O (2009) Manual de Huellas de mamíferos silvestres de Chile. Impr. La Discusión, Chillán, Chile
- Sparklin BD, Mitchell MS, Hanson LB, Jolley DB y Ditchkoff SS (2009) Territoriality of feral pigs in a highly persecuted population on Fort Benning, Georgia. *Journal of Wildlife Management* 73: 497–502
- Spencer P, Lapidge SJ, Hampton JO y Pluske JR (2005) The sociogenetic structure of a controlled feral pig population. *Wildlife Research* 32: 297–304

- Spencer PBS y Hampton JO (2005) Illegal Translocation and Genetic Structure of Feral Pigs in Western Australia. *Journal of Wildlife Management* 69(1): 377–384
- Šprem N, Treer T, Čubrić-Čurik V, Florijančić T, Jurić J y Čurik I (2011) Microsatellite diversity and population structure of the wild boar in Croatia. VIth European Congress of Mammalogy. Paris. Francuska
- Storfer A, Murphy MA, Spear SF, Holderegger R y Waits LP (2010) Landscape genetics: where are we now? *Molecular Ecology* 19: 3496–3514
- Tapia D (2010) Cartografía de las comunidades vegetacionales del parque Karukinka utilizando imágenes de satélite Ópticas y Radar. Tesis de Grado, presentada a la Escuela de Ciencia y Tecnología en Recursos Agrícolas y Acuícolas, Facultad de Ciencias, Universidad de Magallanes
- Taylor RB, Hellgren EC, Gabor TM y Ilse LM (1998) Reproduction of feral pigs in southern Texas *Journal of Mammalogy* 79: 1325–1331
- Thompson JD, Gibson TJ y Higgins DG (2002) Multiple sequence alignment using ClustalW and ClustalX. *Curr Protoc Bioinformatics* August: Chapter 2, Unit 2.3
- Tisdell CA (1982) Wild Pigs: Environmental Pest or Economic Resource? Pergamon Press, Sydney
- Vernesi CB, Crestanello E, Pecchioli D, Tartari D, Caramelli H, Hauffe y Bertorelle G (2003) The genetic impact of demographic decline and reintroduction in the wild boar (*Sus scrofa*): a microsatellite analysis. *Molecular Ecology* 12: 585–595
- Waithman JD, Sweitzer RA, Van Vuren D, Drew JD, Brinkhaus AJ, Gardner IA y Boyce WM (1999) Range expansion, population sizes, and management of wild pigs in California. *The Journal of wildlife management* 298–308
- Wood GW y Brenneman RE (1980) Feral hog movements and habitat use in coastal South Carolina. *Journal of Wildlife Management* 44: 420–427
- Wright S (1951) The genetical structure of populations. *Annals of Eugenics* 15: 323–354
- Wyckoff AC, Henke SE, Campbell TA, Hewitt DG y VerCauteren KC (2012) Movement and habitat use of feral swine near domestic swine facilities. *Wildlife Society Bulletin* 36: 130–138
- Zamora E y Santana A (1979) Características climáticas de la costa occidental de la Patagonia entre las latitudes 46°40' y 56°30'. *Anales del Instituto de la Patagonia, Serie Ciencias Naturales* 10: 109–143

CAPÍTULO 3

Biología de la población de cerdos asilvestrados de Timaukel

Resumen

Sus scrofa domestica es considerada una de las especies mamíferas con mayor éxito como invasora, principalmente por su capacidad de colonizar hábitats de diversas características, alta adaptación trófica y alto potencial reproductivo. En este Capítulo se describen las características somáticas, estado sanitario y ecología trófica de 37 cerdos asilvestrados colectados desde la zona de Timaukel.

Se encontraron significativamente más ejemplares jóvenes que adultos, sin diferencias significativas según sexo ($p > 0.05$), con condición corporal normal y longitud corporal de 1.3 a 1.6 m para ejemplares mayores a 12 meses de vida. Los fenotipos más comunes ($p < 0.05$) fueron pelo color negro corto y arena/negro corto o largo (71.4%), con perfil craneano subcóncavo. El promedio de edad de las hembras gestantes fue de 28 meses, mientras que en las hembras lactantes fue de 23.2 meses ($p > 0.05$), con la ocurrencia de nacimientos a lo largo de todo el año ($p > 0.05$). Su alimentación se basó preferentemente en el consumo de raíces de gramíneas y dicotiledóneas (55.9%) y de cuerpos fructíferos de la especie *Cyttaria darwinii* (37.3%), con un 3% de consumo de alimentos de origen animal basado en carroña e invertebrados. Todos los ejemplares estudiados se encontraron libres de patologías macroscópicas, endoparásitos y sin enfermedad clínica aparente. Únicamente destaca la presencia del ectoparásito *Haematopinus suis* en el 89% de los animales mayores a 5 meses ($p < 0.05$).

Palabras clave: Ecología trófica; *Cyttaria darwinii*; *Haematopinus suis*

3.1 Introducción

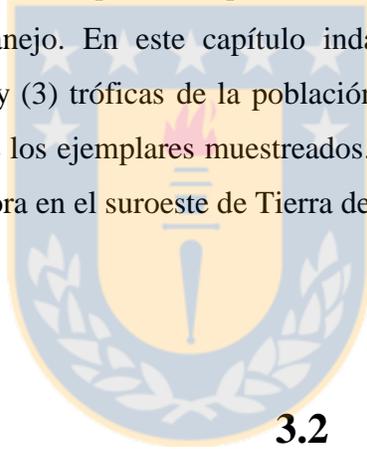
El estudio de la heredabilidad de las características somáticas en *Sus scrofa domestica* ha generado creciente interés en la comunidad científica dado que la cría selectiva sobre los fenotipos ha resultado en la obtención de razas de considerable variabilidad morfo-, fisio- y etológica (ejemplo Anderson y Georges, 2004; Fang *et al.*, 2009). Esto ofrece la oportunidad de identificar aquellos caracteres que perduran, aportando mejoras en la prolificidad, rendimiento, composición bioquímica y resistencia a enfermedades (Chen *et al.*, 2007). Desde una perspectiva evolutiva, en un corto periodo de tiempo se produjeron importantes cambios en el fenotipo, morfología y rendimiento productivo y reproductivo del cerdo doméstico respecto de su antecesor salvaje (Emmans y Kyriazakis, 2000; Andersson, 2001). Las poblaciones de cerdos asilvestrados pueden variar considerablemente en la forma, tamaño y color del pelaje de acuerdo a la herencia de los individuos que inicialmente colonizaron el ambiente natural (McIlroy, 2001). Estas variantes morfológicas se definirán por el tiempo desde la liberación, características del ambiente colonizado, variabilidad genética, grado de pureza racial y características propias del animal (Diong, 1982).

Por otro lado, el carácter cosmopolita de la especie está ligado a su gran capacidad de adaptación a distintos regímenes alimentarios, ya que su calidad de omnívoro le permite transformar diferentes productos y subproductos, y alimentarse tanto de recursos vegetales como animales (Benítez y Sánchez, 2001). En gran medida, la capacidad de los animales domésticos para sobrevivir y reproducirse de manera autónoma en el medio ambiente natural, dependerá de cuán alterada ha sido la reserva genética durante el proceso de cría y cómo se ha modificado su flexibilidad de comportamiento (Price, 1999).

Una de las principales razones del éxito de *S. scrofa* como invasor es ser un típico r – estrategia muy flexible en cuanto a requerimientos ambientales y de alto potencial reproductivo (Geisser y Reyer, 2005). Una vez establecidos en un área natural, los cerdos pueden prosperar rápidamente (Choquenot *et al.*, 1996). Las hembras alcanzan la madurez sexual al superar los 25–30 kg. de peso vivo (PV), aproximadamente entre los 6–10 meses de edad, y pueden producir dos a tres camadas por año, con un promedio de seis crías por camada (Tisdell,

1982). Se espera que un hábitat, alimento y clima favorables permitan una mayor producción de crías con la mayoría de los partos a finales del invierno o principios de primavera, con un período de gestación de aproximadamente 115 días (Stevens, 1996). En ambientes naturales, los machos adultos poseen una correlación positiva entre el peso y el tamaño corporal respecto del éxito reproductivo y la capacidad de recorrer mayores distancias en busca de oportunidades de reproducción (Caley, 1997; Hampton *et al.*, 2004a).

Si bien, en los capítulos anteriores se muestran avances en el conocimiento poblacional de esta especie invasora en el Parque Natural Karukinka, evaluar cómo han respondido la plasticidad fenotípica, reproductiva y ecología trófica de la población de TDF chilena (Timaukel) frente a la heterogeneidad ambiental, entregará antecedentes acerca de la adaptabilidad que ha tenido en el tiempo y con ello, estimar el potencial para la recolonización y el restablecimiento asociado a los planes de manejo. En este capítulo indagamos en (1) las características fenotípicas, (2) reproductivas y (3) tróficas de la población de Timaukel, además de (4) una evaluación sanitaria general de los ejemplares muestreados. Con esta información se evaluará el estado general de esta invasora en el suroeste de Tierra del Fuego.



3.2 Materiales y métodos

Los datos de medidas morfológicas, sexo, color, condición corporal, edad, estado reproductivo y dieta de 36 cerdos asilvestrados cazados (16 hembras y 20 machos) fueron colectados durante el verano ($n = 1$), otoño ($n = 16$) e invierno de 2010 ($n = 7$) y otoño de 2011 ($n = 11$), en la localidad de Timaukel ($53^{\circ}45'35''S$, $69^{\circ}58'39''O$), en el suroeste de Tierra del Fuego, Chile. Para efectos de evaluar la relación entre los animales dentro y fuera del Parque, las variables fueron agrupadas según zona de captura en Río Bueno (**RB**) o Lote 4 (**L4**).

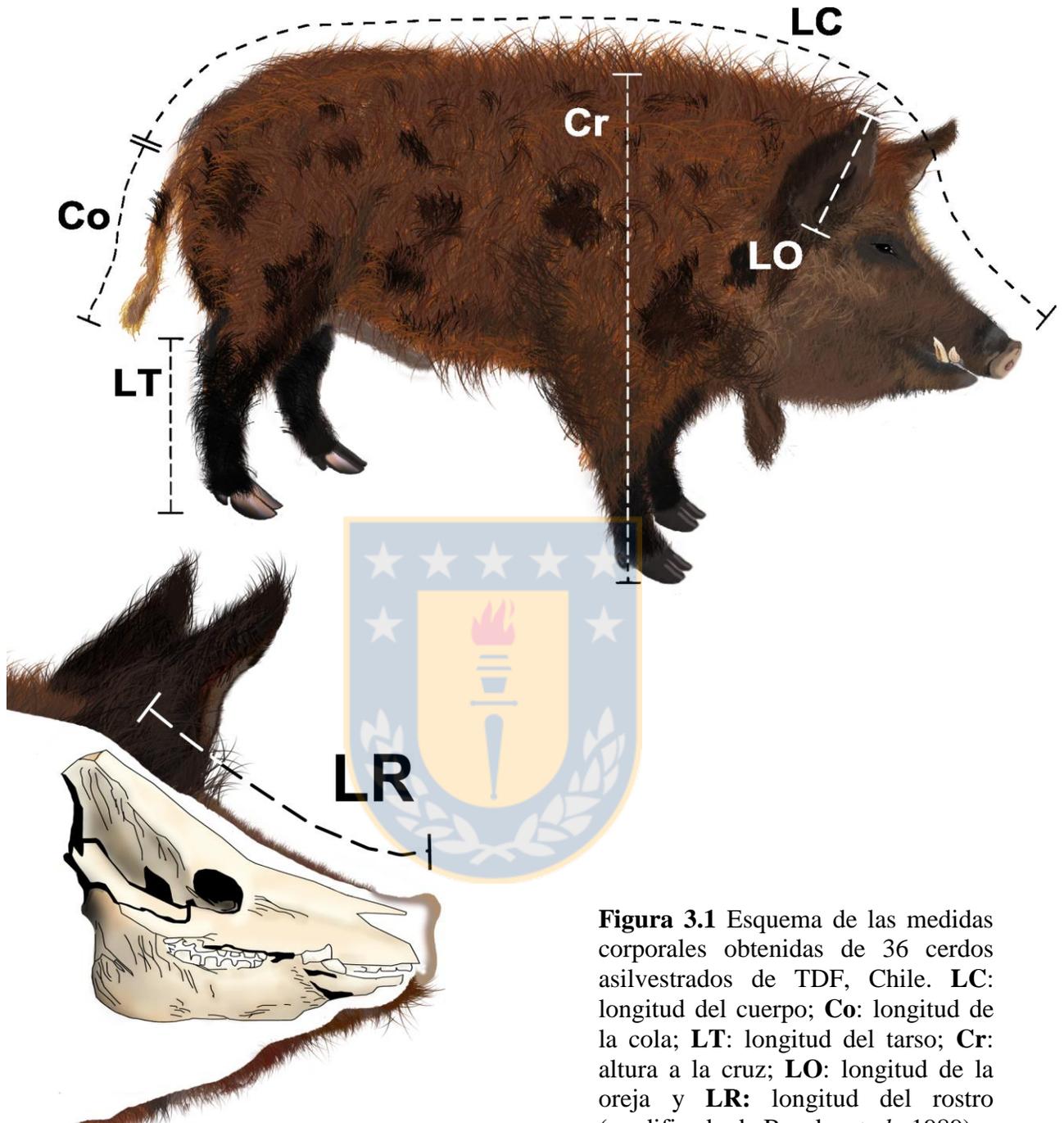


Figura 3.1 Esquema de las medidas corporales obtenidas de 36 cerdos asilvestrados de TDF, Chile. **LC**: longitud del cuerpo; **Co**: longitud de la cola; **LT**: longitud del tarso; **Cr**: altura a la cruz; **LO**: longitud de la oreja y **LR**: longitud del rostro (modificado de Brooks *et al.*, 1989)

3.2.1 Variables morfométricas

Con una cinta métrica flexible se midió: longitud del cuerpo (**LC**): desde la punta de la nariz hasta justo antes de la primera vértebra caudal; longitud de la cola (**Co**) desde la base de la

primera vertebra coccígea hasta el extremo caudal de la última; longitud del tarso (**LT**) desde el extremo distal de la pezuña hasta el proceso calcáneo; altura a la cruz (**Cr**) desde el extremo proximal de la articulación del hombro al extremo distal de las pezuñas de la extremidad anterior puesta el línea recta; longitud de la oreja (**LO**) desde la base proximal hasta el extremo superior del cartílago y longitud del rostro (**LR**) desde la punta de la nariz hasta la cresta nugal (*crista nuchae*) del hueso occipital (modificado de Brooks *et al.*, 1989). Se eligió medir hasta la cresta nugal por ser una estructura palpable por encima de la piel y relativamente independiente de la percepción visual (König y Liebich, 2005). Detalles en Figura 3.1

3.2.2 Variables discretas

Color de la capa

La categorización por color se basó en identificar tanto el color de la capa como su distribución, de acuerdo a seis categorías (modificado de Fernández, 2003): i) **arena y negro (AN)**: ejemplares con gran número de manchas negras pequeñas en un fondo colorado, con patas y cara oscuras; ii) **negro uniforme (Ne)**: animal completamente negro, incluida la pigmentación de la nariz y pezuñas; iii) **negro con puntos blancos (Btn)**: ejemplar de cuerpo negro, con cuatro a seis puntos blancos (nariz, cola, rostro y/o cuatro patas); iv) **dominó (Dom)**: ejemplar con pelaje base de color blanco y manchas negras de tamaño irregular en todo el cuerpo excepto extremidades, patas y punta de la cola (Lauvergne y Canope, 1979); v) **calico (Cal)**: presentación de los colores colorado y negro en forma de parches sobre una base de pelo blanco, con cara y patas blancas; y vi) **blanco uniforme (Bl)**: ejemplar blanco entero.

Condición corporal

La evaluación del estado nutricional de los ejemplares se realizó mediante el sistema de “valoración subjetiva de la condición corporal” estandarizado por Lowman *et al.*, (1976). Consistiendo en el análisis visual y palpación de las apófisis espinosas torácicas y apófisis transversa lumbares para otorgar una puntuación de 1 a 5. Siendo 1 un ejemplar emaciado y 5 uno obeso. Además, se identificó la presencia de algunas características fenotípicas particulares como presencia de “mamellas” (apéndices pendulosos en la base del cuello).

“revinxe” (remolino que cambia la dirección del pelo en la parte trasera del lomo) y “tipo de cráneo” (sub-cóncavo, cóncavo, ultra-cóncavo), por encontrarse asociados a tipos raciales ancestrales y/o poco comunes (Revidatti, 2009).

Rango etario

Esta se evaluó según erupción, reemplazo, desarrollo y desgaste dental siguiendo el método de Matschke (1967), modificado por Diong (1973). Los animales fueron clasificados en cuatro categorías respecto de su edad: “lactante” (0 a 4 meses), “juvenil” (5 a 11 meses), “subadulto” (12 a 23 meses) y “adulto” (>24 meses) (Choquenot y Saunders, 1993; Choquenot *et al.*, 1996).

Análisis reproductivo

En hembras subadultas y adultas, se utilizó como evidencia de actividad reproductiva la presencia de preñez, glándulas mamarias activas y/o signos macro y microscópicos de actividad folicular (Palmer *et al.*, 1965; Kunavongkrit *et al.*, 1982). Las glándulas mamarias se calificaron como activas cuando presentaron un aumento relativo de volumen y secreción láctea (McNeilly, 1977). Los fetos presente en el útero fueron removidos, contados, sexados y medidos en longitud craneo-caudal y se calculó la edad gestacional según lo sugerido por Ullrey *et al.* (1965). Una vez conocida la edad gestacional de los embriones y fetos, se estimó la fecha aproximada de ovulación y fecha posible de parto considerando la duración promedio de la gestación entre 111 a 117 días (Kranker *et al.*, 1998). Además, se estimó el periodo de nacimientos en base a los ejemplares con edad ≤ 8 meses, dado que en esta etapa la estimación de la edad es más precisa (Matschke, 1967). A partir del análisis de los eventos reproductivos se estimó además, el número de camadas / hembra / año y tamaño aproximado de camada. En los ejemplares machos se evaluaron las características externas de ambos testículos, de manera visual y por palpación, en busca de irregularidades que pudieran comprometer la reproducción de acuerdo a lo sugerido por Hancock (1959).

Estado sanitario general

Los cadáveres frescos de los ejemplares cazados en la zona de Timaukel (n = 36), fueron examinados macroscópicamente en busca de alteraciones, mediante inspección semiológica básica y necropsia de campo, de manera visual y al tacto (De las Heras y García, 2008). Se realizó un corte longitudinal a través de intestino grueso y delgado en busca de parásitos intestinales y se inspeccionó macroscópicamente la piel y pelaje en busca de ectoparásitos (ejemplo Pavlov y Edwards, 1995; Witmer *et al.*, 2003). Los parásitos colectados fueron preservados en alcohol 70° a -4°C. Posteriormente fueron medidos y examinados morfológicamente con lupa estereoscópica, y clasificados según estado de maduración en: huevo (Hu), ninfa (Ni) y adulto (Ad). Para identificar posibles vías de contagio de enfermedades bacterianas a través de los parásitos hematófagos, los ectoparásitos de nueve cerdos asilvestrados elejidos al azar, fueron lavados con suero fisiológico. Su abdomen fue extraído, macerado y cultivado en medios enriquecidos para bacterias Gram positivas y negativas a 37°C por 72 hrs en el Laboratorio de Microbiología Veterinaria de la Universidad de Concepción, Chile.

3.2.3 Análisis de dieta

Para el análisis de dieta, se extrajo 250 cm³ de contenido gástrico, desde las áreas proximal, media y distal de 32 estómagos de cerdos asilvestrados obtenidos desde la localidad de Timaukel. Los ejemplares lactantes íntegros fueron excluidos de este análisis.

El volumen colectado fue guardado en envases plásticos con solución AFA (alcohol 90% 70°, formalina 5% y ácido acético 5%) y almacenados a temperatura y humedad estable. El producto colectado fue limpiado, tamizado y categorizado en el Laboratorio de Ecología y Vida Silvestre de la Universidad de Concepción. Para su clasificación, los productos fueron visualizados y fotografiados con lupa estereoscópica y microscopio, para posteriormente ser comparados con material de referencia local y/o colecciones de herbario. Parte de los componentes vegetales superiores fueron identificados con colaboración de profesionales del Laboratorio de Microhistología de INTA, Bariloche, y los tejidos radiculares por expertos del Departamento de Botánica de la Universidad de Concepción.

Cuando se encontraron estructuras vegetales o animales, mayores a 1mm, fueron separadas, identificadas y fotografiados bajo lupa estereoscópica en el Laboratorio de Histología de la Universidad de Concepción. La identificación taxonómica de larvas se realizó con la colaboración del Departamento de Zoología de la Universidad de Concepción y de la organización internacional Coleoptera Neotropical. Además, se realizó el análisis microscópico del tejido animal cuando fue encontrado en los estómagos. Para esto, se cortó una fracción de aproximadamente 1 cm³ del tejido encontrado y se almacenó en formalina 10% por tres días. Luego se procesaron mediante el protocolo básico de procesamiento para muestras de microscopía óptica, en el Laboratorio de Patología de la Universidad de Concepción. Para identificar una especie mamífera consumida, se analizó y comparó la microestructura capilar mediante inspección de color y anatomía general de pelos encontrados en estómagos de cerdos asilvestrados y especies domésticas presentes en el área de estudio (ejemplo Gomez y Cassini, 2010).

Se extrajeron al menos veinte pelos a partir de animales vivos de las especies *Ovis aries*, *Bos taurus*, *Equus caballus*, *Canis lupus familiaris* y *Felis catus* presentes en estado asilvestrado en TDF, y pelos de la cola, pecho, lomo y abdomen de las especies *Lama guanicoe* y *Castor canadensis* aportadas por el Laboratorio de Ecología y Vida Silvestre de la Universidad de Concepción, además de una especie control: *Capra hircus*. Todos los pelos fueron lavados y sumergidos en alcohol 90° por 24 hrs para eliminar la grasa y partículas adheridas a la superficie. Posteriormente fueron examinados con lupa estereoscópica en el Laboratorio de Histología de la Universidad de Concepción. Además, se analizaron con microscopio óptico la corteza, médula y cutícula del pelo digerido mediante cortes histológicos sagital y longitudinal. en el Laboratorio de Patología de la Universidad de Concepción. Por otro lado, se analizó la morfología básica de los pelos consumidos para identificar si éstos fueron arrancados violentamente desde un animal vivo o fueron consumidos como carroña (ejemplo McIlroy, 2010).

Dada la dificultad para la identificación que presentó el tejido radicular y larvario, el reconocimiento taxonómico de éstas se realizó hasta el nivel más detallado posible. Todos los componentes de la dieta fueron clasificados según origen “vegetal” o “animal”. estación del

año y localidad. Cuando se encontraron hojas o partes de hojas de *Nothofagus betuloides* o *Nothofagus pumilio*, éstas fueron valoradas en conjunto y clasificadas como *Nothofagus sp.*

3.2.4 Análisis de datos

Mediante el software Infostat v2008 se calculó la frecuencia absoluta, relativa y valores de probabilidad, con un 95% de confianza. Se utilizó la Prueba de independencia Chi-cuadrado para contrastar diferencias entre las variables categóricas. Sin embargo, cuando las frecuencias esperadas fueron cercanas a cero, se utilizó la Prueba exacta de Fisher. Se utilizaron pruebas de Kruskal-Wallis por categorías para comparar caracteres cuantitativos entre los sectores L4 y RB. Para presentar los resultados se realizaron tablas de contingencias y gráficas de dispersión. Se calculó el coeficiente de correlación y regresión lineal para las variables “tamaño corporal”.

En el análisis morfométrico y trófico se excluyó una muestra de L4, por no contar con el animal completo. No se consideraron en el análisis de varianza los datos de ejemplares jóvenes, ya que sólo se contó con las medidas de una hembra para esa categoría

3.2.5 Identificación de muestras

Cada animal fue identificado con un código que incluyó las dos primeras letras del sitio de captura, más el número de animal cazado, otorgado de manera correlativa. Este código estuvo asociado a una ficha rotulada con los datos propios de cada ejemplar y sitio de captura (Detalles en Anexo II).

3.3 Resultados

3.3.1 Distribución de sexo y edad de los ejemplares analizados

Durante las épocas de verano, otoño e invierno de 2010 y otoño de 2011, se analizaron 37 ejemplares, de los cuales más del 70% fue encontrado en el Sector Lote 4. La distribución de frecuencias relativas y absolutas se muestra en la Tabla 3.1.

Tabla 3.1 Distribución temporal de los cerdos asilvestrados muestreados al suroeste de TDF, donde FA: frecuencia absoluta y FR (%): frecuencia relativa

Época	FA	FR(%)
Lote 4		
otoño 2010	10	27.03
invierno 2010	7	13.21
otoño 2011	9	16.98
Sub total	26	70.27
Río Bueno		
verano 2010	1	2.70
otoño 2010	6	13.23
otoño 2011	4	13.24
Sub total	11	29.73
TOTAL	37	100.00

De los ejemplares muestreados en Lote 4 (L4), la mayor parte fueron machos subadultos (23.08%) seguidos por lechones de ambos sexos (19.23%). En Río Bueno (RB) en cambio, se obtuvieron mayoritariamente ejemplares adultos de ambos sexos (27.27%). No existieron diferencias significativas ($p > 0.05$) en la presentación de hembras y machos en los distintos rangos etarios, ya sea en L4 o RB (Tabla 3.2). El 76.5% de las hembras y el 80.0% de los machos tuvieron menos de dos años de edad ($p < 0.05$), con una proporción 50:50 de machos y hembras >12 meses de edad.

Tabla 3.2 Frecuencias absoluta (FA) y relativa (FR) de sexos, de acuerdo al área y rango de edad. *p*: valor de significancia estadística

Rango de edad	Hembra		Macho		Total		<i>p</i>
	FA	FR(%)	FA	FR(%)	FA	FR(%)	
Lote 4							
lechón	5	19.23	5	19.23	10	38.46	0.9446
juvenil	2	7.69	2	7.69	4	15.38	
subadulto	4	15.38	6	23.08	10	38.46	
adulto	1	3.85	1	3.85	2	7.69	
Sub total	12	46.15	14	53.85	26	100.00	
Río Bueno							
juvenil	0	0.00	2	18.18	2	18.18	0.3229
subadulto	2	18.18	1	9.09	3	27.27	
adulto	3	27.27	3	27.27	6	54.55	
Sub total	5	45.45	6	54.55	11	100.00	
TOTAL	17	45.94	20	54.05	37	100.00	

3.3.2 Variables biométricas y condición corporal

Los valores de seis medidas corporales de 36 cerdos asilvestrados de las zonas L4 y RB se presentan resumidas en la Tabla 3.3 según rango etáreo y sexo.

A medida que los individuos avanzaron en edad, tanto hembras como machos aumentaron también su tamaño corporal de manera correlacionada para las seis medidas evaluadas ($p < 0.05$). Por ejemplo, las medidas Longitud del Cuerpo (LC) y Altura a la Cruz (Cr), que determinan el tamaño general del animal, están muy correlacionadas, con un coeficiente de relación canónica de $R = 0.97$, altamente explicado por el modelo ($R^2 = 0.95$) y con un nivel de probabilidad asociada a la hipótesis de correlación de $p < 0.01$.

La Figura 3.2 representa la correlación entre las medidas LC y Cr y cómo éstas varían a medida que avanza la edad del animal. Pasado el año de vida, etapa en que los ejemplares han alcanzado la madurez reproductiva (fisiológica y anatómica), la tasa de crecimiento fue menor y tanto los ejemplares subadultos como adultos no mostraron diferencias significativas en tamaño ($p > 0.05$).

Tabla 3.3 Promedio (\bar{X}), desviación estándar (D.E.) y valores mínimos (Mín) y máximos (Máx) de las medidas corporales de los cerdos asilvestrados de TDF, ordenados por categoría de edad y sexo

	Hembra				Macho			
	\bar{X}	D.E.	Mín	Máx	\bar{X}	D.E.	Mín	Máx
Lechón								
n	5	5	5	5	5	5	5	5
Longitud del cuerpo	71.90	25.39	42.00	94.00	58.90	18.88	43.50	81.00
Longitud de la cola	13.54	3.84	8.20	17.50	12.30	3.99	9.00	18.00
Longitud del tarso	15.00	5.78	8.50	20.50	12.60	4.51	8.50	17.50
Altura a la cruz	38.30	12.51	24.00	50.00	33.30	9.87	26.00	46.00
Longitud de la oreja	8.60	2.63	5.50	11.00	7.24	2.14	5.00	10.00
Longitud del rostro	17.30	4.87	11.50	23.00	14.80	5.26	10.00	21.00
Juvenil								
n	1	1	1	1	4	4	4	4
Longitud del cuerpo	106.00	0.00	106.00	106.00	110.88	9.00	100.00	122.00
Longitud de la cola	19.00	0.00	19.00	19.00	19.25	0.96	18.00	20.00
Longitud del tarso	22.50	0.00	22.50	22.50	23.13	0.75	22.50	24.00
Altura a la cruz	55.00	0.00	55.00	55.00	60.75	6.55	55.00	69.00
Longitud de la oreja	11.50	0.00	11.50	11.50	12.63	1.38	11.00	14.00
Longitud del rostro	24.00	0.00	24.00	24.00	23.88	0.85	23.00	25.00
Sub-adulto								
n	6	6	6	6	7	6	7	7
Longitud del cuerpo	132.67	9.09	125.00	146.00	145.93	5.92	138.00	152.00
Longitud de la cola	24.83	4.88	19.00	32.00	28.33	2.93	24.00	32.50
Longitud del tarso	25.08	1.86	23.00	28.00	28.07	2.01	26.00	30.50
Altura a la cruz	68.83	5.64	62.00	76.00	80.57	4.09	75.00	88.00
Longitud de la oreja	14.92	1.86	13.00	18.00	16.57	0.98	15.50	18.00
Longitud del rostro	30.83	3.71	27.00	37.00	33.43	2.24	30.00	36.00
Adulto								
n	4	4	4	4	4	4	4	4
Longitud del cuerpo	140.25	5.74	135.00	148.00	149.75	8.85	141.00	162.00
Longitud de la cola	25.13	4.63	22.00	32.00	27.00	3.72	22.00	30.50
Longitud del tarso	26.50	0.58	26.00	27.00	28.13	1.55	26.00	29.50
Altura a la cruz	71.75	4.03	67.00	76.00	87.25	9.60	78.00	99.00
Longitud de la oreja	16.38	1.11	15.00	17.50	17.63	1.11	16.50	19.00
Longitud del rostro	30.38	2.29	28.00	33.50	33.25	3.30	29.00	37.00

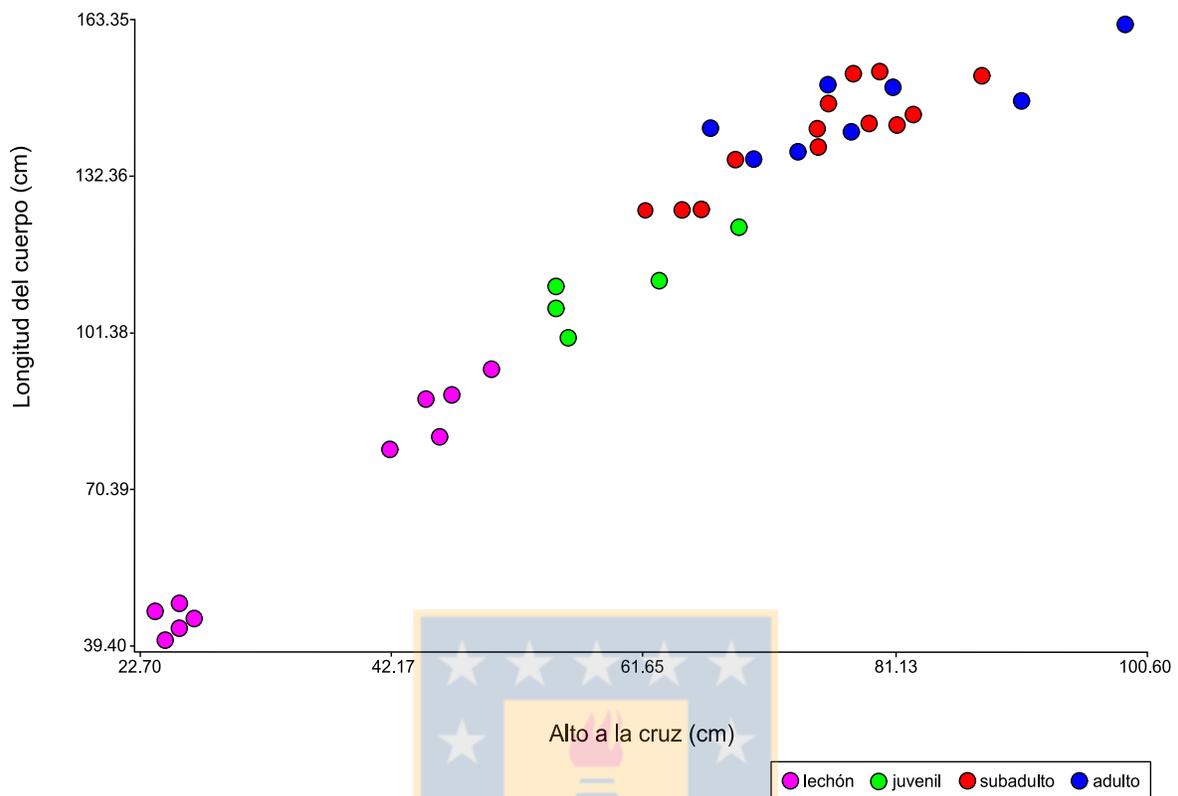


Figura 3.2 Grafica de dispersión de análisis bivariado para las medidas: Longitud del Cuerpo (LC) y Alto a la Cruz (Cr), medido en centímetros (cm)

Tabla 3.4 Prueba F para las varianzas de las medidas corporales entre hembras y machos de todas las edades ($p < 0.05$). {M}: machos; {H} hembras; Var(1) y Var(2): varianzas de las medidas corporales de machos y hembras respectivamente; F: valor del estadístico de Fisher; p : valor de significancia estadística

Variable	Grupo(1)	Grupo(2)	n(1)	n(2)	Var(1)	Var(2)	F	p
Co	{M}	{H}	16	15	64.69	48.29	1.34	0.5899
LT	{M}	{H}	16	15	62.50	38.19	1.64	0.3637
LN	{M}	{H}	16	15	90.56	55.28	1.64	0.3628
LO	{M}	{H}	16	15	23.67	15.17	1.56	0.4122
LC	{M}	{H}	16	15	1918.73	1199.82	1.60	0.3866
Cr	{M}	{H}	16	15	645.41	300.25	2.15	0.1607

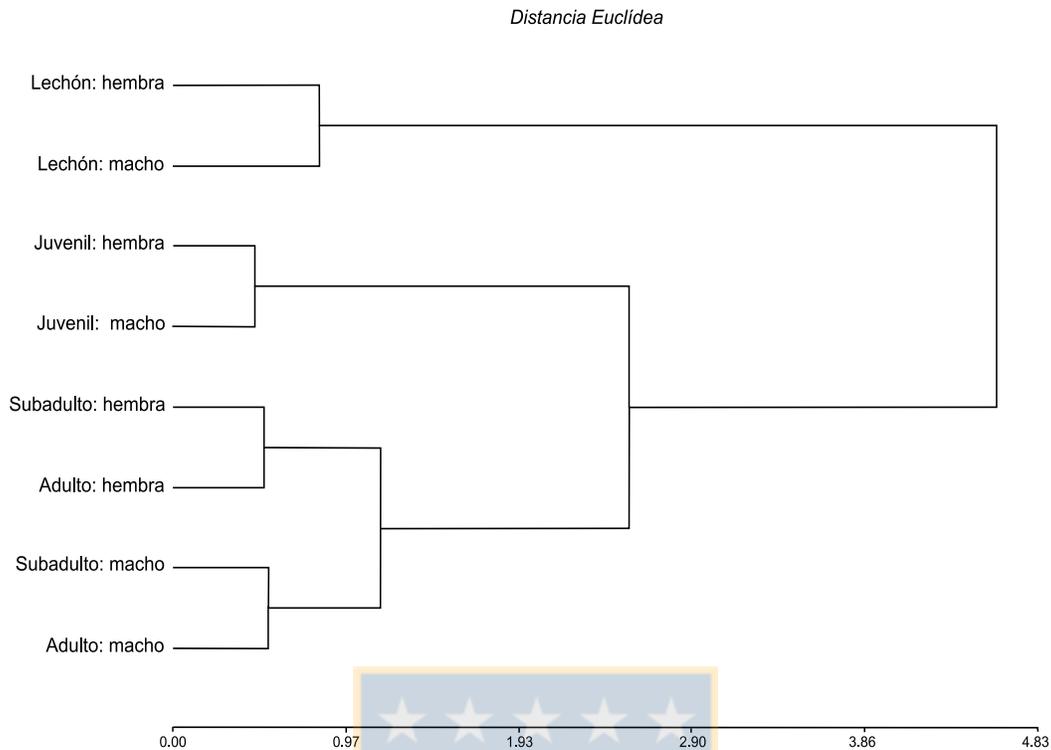


Figura 3.3 Dendrograma de similitud entre el tamaño corporal de hembras y machos de distinto rango etario

No se encontraron diferencias significativas ($p > 0.05$) al comparar el tamaño corporal de cerdos asilvestrados hembras y machos, para alguna de las medidas corporales analizadas (Tabla 3.4). Sin embargo, una vez sobrepasada la madurez reproductiva, algunos ejemplares machos subadultos presentaron un tamaño superior inclusive al de las hembras adultas (Figura 3.3)

Tabla 3.5 Análisis de la condición corporal (CC) según rango etario ($n = 36$), donde n : número de individuos; \bar{X} : promedio de CC; D.E.: desviación estándar; p : valor de significancia estadística

Rango etario	n	\bar{X}	D.E.	Mediana	p
Lechón	5	3.40	0.55	3.00	0.1755
Juvenil	10	3.00	0.00	3.00	
Subadulto	13	3.31	0.75	3.00	
Adulto	8	3.50	0.53	3.50	

El promedio del valor de condición corporal de todos los ejemplares analizados en esta investigación, tanto hembras como machos, y en todas las edades presentaron una condición corporal valorada como 3 = normal, sin diferencias significativas ($p > 0.05$) según sexo, rango etario, zona o estación (ejemplo Tabla 3.5).



Figura 3.4 Variantes del color del manto presentes en la población de cerdos asilvestrados de Timaukel. A: negro uniforme (**Ne**); B: arena y negro (**AN**); C: negro con seis puntos blancos (**Btn**). D: calico (**Cal**) y E: blanco uniforme (**Bl**)

3.3.3 Color del manto y caracteres atípicos o ancestrales

Los individuos muestreados en Timaukel mostraron variaciones en el color y el largo del pelo. Los dos tipos más comunes ($p < 0.05$) fueron **Ne** pelo corto y **AN** (pelo corto o largo) presentes en el 71.4% de los animales cazados. Los patrones de color menos frecuentes fueron **Btn** y **Cal** (4.8%), seguido de **Bl** y **Dom** con un 7.1% y 11.9% de representatividad respectivamente. Como dato anecdótico, se observó una camada de siete lechones **Bl** hijos de madre **Btn** (Figura 3.4). La coloración **Bl** estuvo representada en un 37% de los individuos menores de 12 meses (incluyendo fetos), significativamente más que lo observado en cerdos de edad reproductiva (9.5%).

Destaca la presencia de caracteres atípicos respecto de las razas domésticas de cerdos cosmopolitas. Entre ellos, el de presentación significativamente más común fue “orejas pequeñas y erguidas” y “cola lisa” (83.8%), seguido de “pelo largo y rizado” (5.4%) y “revinxe” (5.4%). En el 36.4% de los machos mayores de un año se presentaron colmillos largos con un promedio de 5cm (3 – 7) y acumulación grasa en el cuello (18.2%) y presencia de mameas (2.7%). El perfil craneano predominante fue subcóncavo, con presencia en el 90% de los cerdos mayores de 12 meses, con un 10% con perfil cóncavo ($p < 0.05$). Cabe destacar que la presentación de rasgos ancestrales fue significativamente mayor en los ejemplares de coloración **AN** ($p < 0.05$), exceptuando para la comparación de “tipo de cráneo”.

3.3.4 Análisis reproductivo

Al análisis macroscópico (visual, palpación) e histológico todos los ejemplares presentaron órganos sexuales normales, con folículos y cuerpos lúteos y actividad testicular en hembras y machos adultos respectivamente. Incorporando los resultados obtenidos en Capítulo 2, el padre identificado como reproductor más joven fue RB.17, con 15 meses de edad en la fecha aproximada de monta.

El 69% de las hembras mayores de un año ($n = 10$) presentó actividad reproductiva, ya sea preñez o lactancia ($p < 0.05$). El promedio de edad de las hembras gestantes fue de 28 meses, mientras que el promedio de edad de las hembras con cría fue de 23.2 meses ($p > 0.05$). La

cruza más temprana calculada fue en la hembra L4.11, aproximadamente a los 10 meses de edad. No existieron diferencias significativas en el número de fetos, ni en el tamaño de la camada entre hembras fueron subadultas o adultas, con 4.67 ± 1 crías promedio ($p > 0.05$).

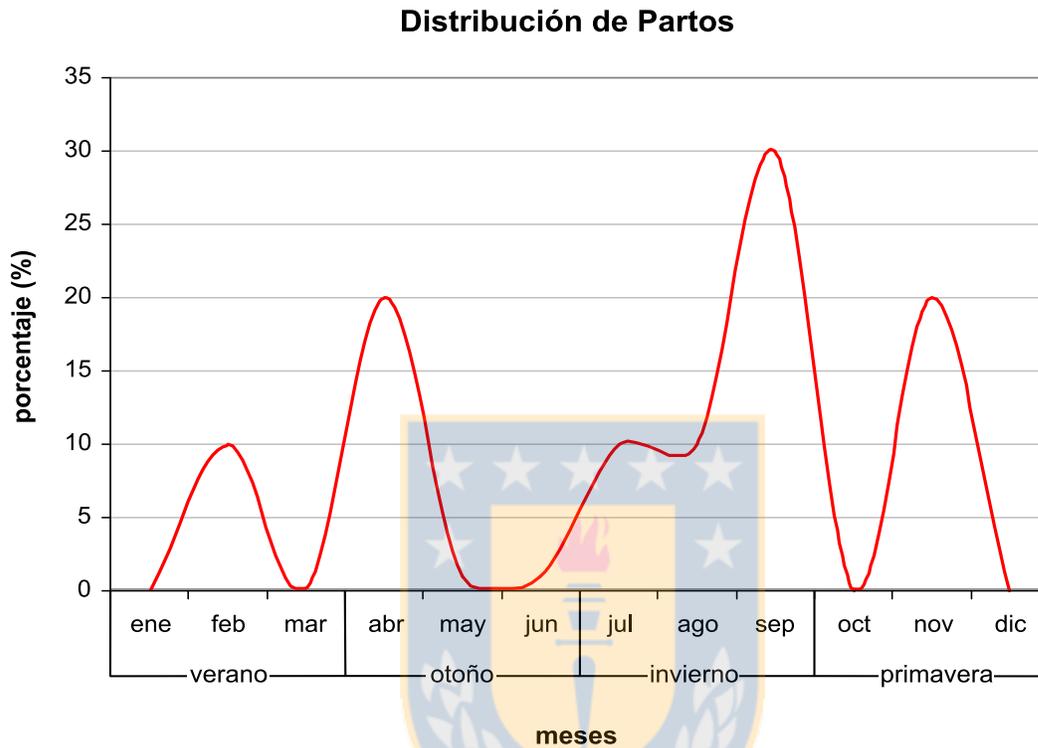


Figura 3.5 Curva de distribución de los partos según estación del año, inferida a partir de edad de fetos y crías menores a ocho meses. La curva llega a cero en los meses en que no se estimó parto.

Del total de hembras cazadas ($n = 29$) el promedio de glándulas mamarias / hembra fue de 11.5, con un mínimo de nueve y un máximo de trece. De acuerdo a la clasificación de rango etario de Choquetot y Saunders (1993) tanto las hembras subadultas (50%) como adultas (50%) presentaron glándulas mamarias activas, con un promedio de 5.2 ± 3 . En las cuatro hembras gestantes analizadas (2 subadultas y 2 adultas) el promedio de fetos fue de 8.25. Si se analiza la relación entre las glándulas mamarias totales, tamaño de preñez y lechones lactantes, se tiene que en promedio las madres criaban sólo a la mitad (50%) del potencial reproductivo de la especie.

Mediante la estimación de la edad gestacional de 33 fetos de cuatro hembras preñadas y 24 crías menores de ocho meses de edad, se deduce la ocurrencia de nacimientos a lo largo de todo el año ($p > 0.05$), situándose la mayoría de ellos a finales de invierno (Figura 3.5). En cuanto al periodo de celo, éste se produciría con un máximo en otoño (a mediados de mayo) y aumentando a medida que avanzó el invierno y la primavera ($p > 0.05$). Sólo una hembra se encontraba gestando (61 días de gestación) y amamantando (crías de seis meses de edad) a la vez, con un lapso inter – parto (LIP) estimado en 234 días (1.6 partos / año).

3.3.5 Estado sanitario general

Todos los ejemplares estudiados se encontraban libres de alteraciones macroscópicas, endoparásitos y sin enfermedad clínica aparente. Únicamente destaca la presencia de ectoparásitos caracterizados como *Haematopinus suis* (Florencia, 1921). Este piojo del cerdo estuvo presente en el 89% de los animales mayores de cinco meses de edad ($p < 0.05$). Los lechones no estuvieron infestados. Los piojos no se distribuyeron de manera uniforme en el cuerpo de los cerdos, sino que preferentemente en la base y cara ventral de ambas orejas, axilas y en el área escrotal de los machos ($p < 0.05$) (Figura 3.6), no existiendo diferencias significativas relacionadas con el sexo del animal y época de muestreo ($p > 0.05$).

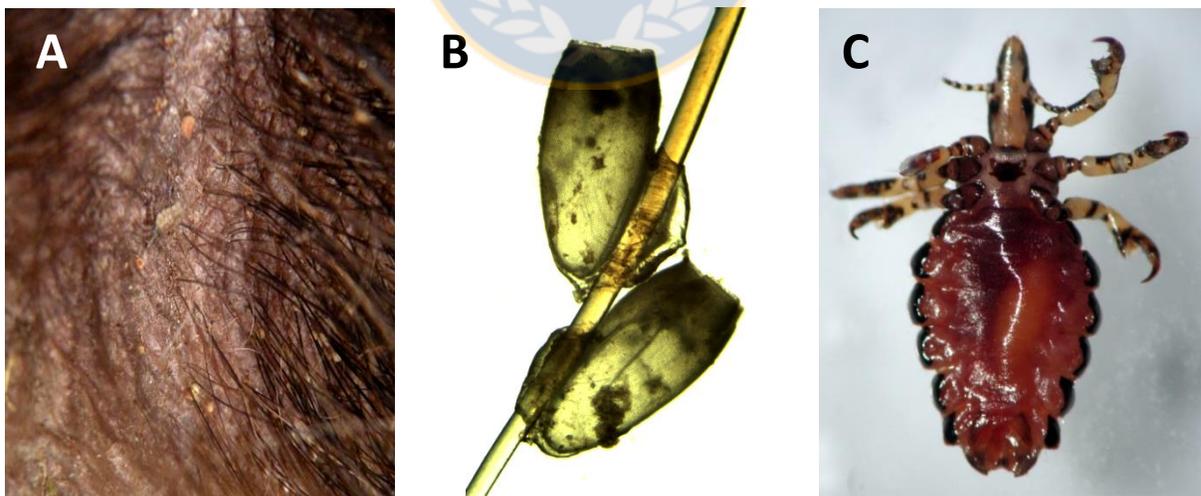


Figura 3.6 Ectoparásitos. **A:** Adultos y huevos de *Haematopinus suis* adheridos al pelo y piel de *Sus scrofa*; **B:** Huevos eclosionados y **C:** ejemplar adulto de *H. suis*

Todos los cultivos de macerado de estómagos de *H. suis* resultaron negativos por lo que no se encontró evidencia que este parásito participe como portador y diseminador enfermedades bacterianas de importancia zoonositaria.

Un hallazgo adicional encontrado en los cerdos muestreados fueron señas o marcas en una o ambas orejas a manera de cortes parciales en el cartílago (4.8% de los animales). Estas son el resultado del registro de cazadores locales, que atrapan a los animales cuando lechones (lanceándolos) para marcarlos y luego soltarlos, sin otro fin aparente que reconocerlos una vez que han alcanzado la madurez, o bien para reclamar cierta “propiedad” sobre éstos en el futuro.

3.3.6 Ecología trófica

Al considerar la frecuencia de aparición de un componente de la dieta por estómago, se detectó que el 57.9% de los ítems consumidos por los cerdos de la zona suroeste de TDF eran hipógeos, obtenidos mediante hozadura. Un 38.4% consistió en frutos o cuerpos fructíferos recolectados desde el suelo. La estrategia de alimentación significativamente menos utilizada por los animales fue el pastoreo (3.6%), y fortuitamente el consumo de cuerpos extraños (Tabla 3.6).

Respecto de la importancia volumétrica de un ítem en la dieta, esta estuvo significativamente ($p < 0.05$) influenciada por la presencia de raíces de gramíneas y dicotiledóneas (48.9%), entre ellas *Trifolium sp.*, *Ribes sp.*, *Ranunculus sp.* y *Taraxacum sp.*, además de cuerpos fructíferos de la especie *Cyttaria darwinii* (43.67%) liderando el volumen de consumo durante la temporada de muestreo. El consumo de tallos y hojas de plantas vasculares estuvo siempre asociado al consumo de raíces, y la limitada aparición de hojas de *Nothofagus sp.* estuvo asociado a la ingesta de *C. darwinii*. Detalles fotográficos de algunos componentes de la dieta se muestran en Anexo VI.

Destaca la poca participación de los componentes animales en la dieta, que apenas representó el 3.93% del volumen alimenticio consumido. Éste consistió en la ingesta de *Aulacopalpus pilicollis* (Scarabaeidae: Rutelinae), en sus estadios adulto y larva, además de lombrices de

tierra (Lumbricidae: Annelidae) (1.75%). Los hallazgos de componentes vertebrados correspondió exclusivamente de la ingesta de carroña (1.63%), habiéndose encontrado pelo de guanaco con su base o raíz íntegra, restos de material tendinoso, además de un trozo de suela de ungulado (Figura 3.7 y Anexo VI). Aunque en un volumen insignificante, reconocemos también, la ingesta de larvas de algunos dípteros como Psychodidae, Sciaridae y Muscidae (ver Anexo VI).

Tabla 3.6 Hábitos de alimentación y principales ítems tróficos de los cerdos asilvestrados de Timaukel, presentados como la importancia relativa porcentual respecto del volumen del material colectado. Línea horizontal indica ausencia; ds: cantidad despreciable

Hábito alimenticio	% del volumen total	Ver 2010 (n=1)	Oto 2010 (n=11)	Inv 2010 (n=7)	Oto 2011 (n=12)
PASTOREO (epígeo)					
• Tallos y hojas (gramíneas y dicotiledóneas)	3.33	ds	2.10	10.30	0.90
Subtotal	3.3	-	2.10	10.30	0.90
RECOLECCIÓN (epígeo)					
• <i>C. darwinii</i>	43.67	98.40	50.70	-	25.60
• Hoja <i>Nothofagus</i> sp.	0.08	ds	ds	ds	0.30
• Carroña <i>L. guanicoe</i>	1.63	ds	-	4.30	2.20
Subtotal	45.4	98.40	50.70	4.30	28.10
HOZADURA (hipógeo)					
• Raíces (gramíneas y dicotiledóneas)	48.95	1.20	44.50	83.70	66.40
• <i>A. pilicollis</i>	0.55	ds	0.50	1.70	-
• Lumbricidae	1.75	0.40	2.20	-	4.40
Subtotal	51.3	1.60	47.20	85.40	70.80
OTROS					
• Cuerpo extraño	0.05	-	ds	-	0.20
Subtotal	0.1	-	-	-	0.20
TOTAL	100	100	100	100	100

No existieron diferencias significativas de la dieta según hora del día, estación, condición corporal, sexo o edad de los individuos ($p > 0.05$). Tampoco varió la selección del alimento de acuerdo al estado reproductivo de las hembras ($p > 0.05$). Sin embargo, existieron significativas diferencias de acuerdo a la disponibilidad de alimento según la zona de caza. Los ejemplares cazados en Río Bueno (RB) habían consumido preferentemente *C. darwinii*, mientras que en Lote 4 (L4) el consumo de raíces fue considerablemente mayor ($p < 0.01$). En los ejemplares colectados en RB, *C. darwinii* ocupó un 90.99 ± 12.1 del volumen del contenido gástrico. Por su parte, en L4 el consumo de raíces abarcó el 97.24 ± 5.8 del alimento total ingerido ($p < 0.05$).

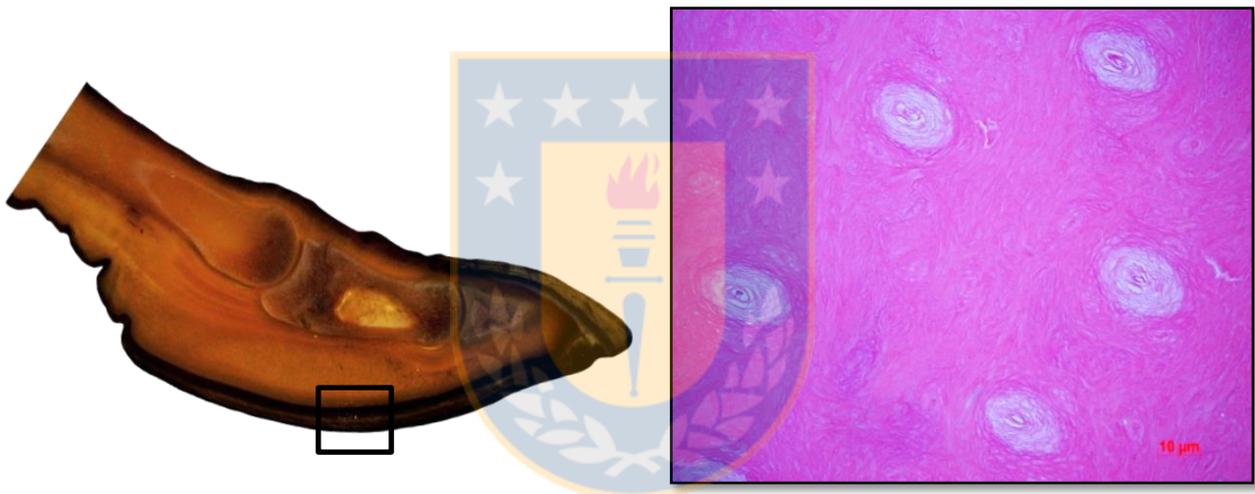


Figura 3.7 Imagen histológica del corte transversal de un elemento denso encontrado en el estómago de *Sus scrofa*, identificado como *estratum medium* de la suela de Artiodáctilo. El cuadrado negro marca una aproximación a la zona de pertenencia (más detalles en Anexo VI)

En cuanto a la variedad en la selección del alimento consumido por los cerdos asilvestrados de Timaukel, los ejemplares de Río Bueno abarcaron significativamente más variedad con siete ítems diferentes, mientras que en L4 sólo se encontraron cuatro (Figura 3.8). *Cyttaria darwinii*, restos de *Lama guanicoe* y hojas de *Nothofagus sp.* se encontraron en todos los estómagos de los cerdos analizados en RB, en mayor o menor proporción.

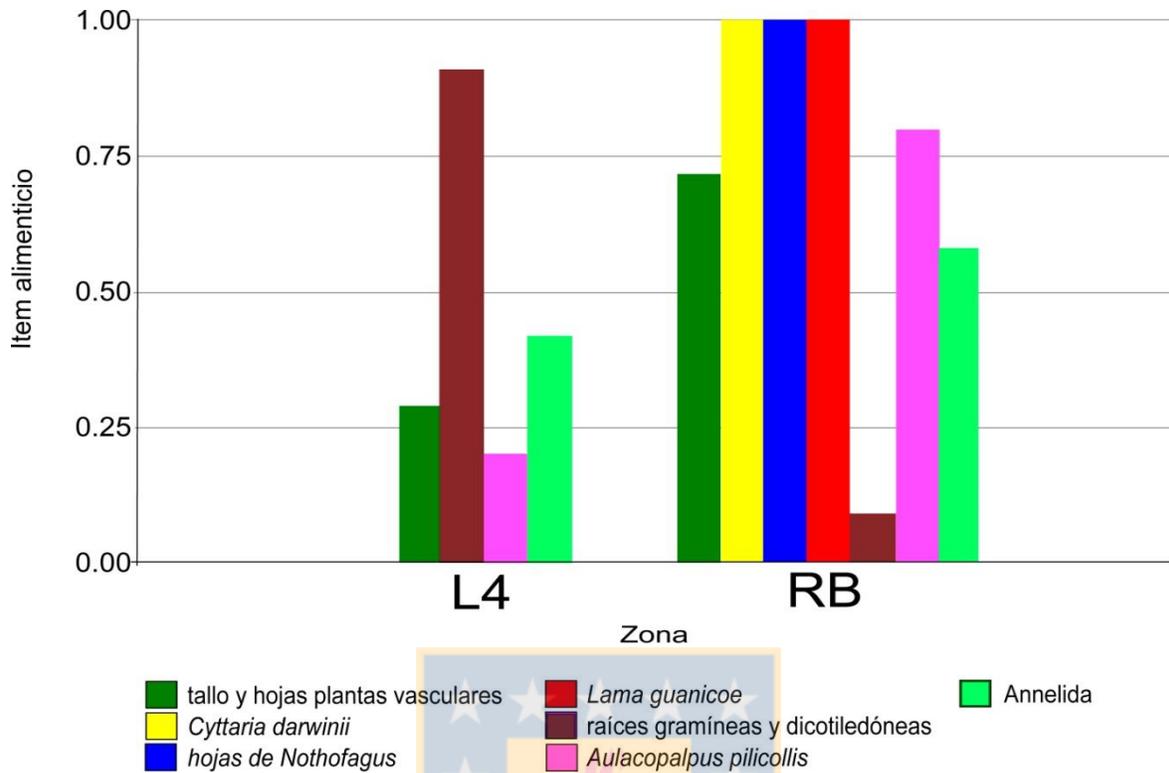


Figura 3.8 Detalle de la frecuencia relativa (%) de los ítems alimenticios consumidos por cerdos asilvestrados no lactantes según zona de caza. L4: Lote 4; RB: Río Bueno

3.4 Discusión

A partir de los resultados obtenidos en los Capítulos 1 y 2 se reconoce al cerdo asilvestrado de Timaukel como el resultado de la introducción de ejemplares de líneas porcinas europeas, conformando actualmente una población de menor variabilidad genética respecto de otras poblaciones de similares características, y de presentación permanente en el ambiente boscoso del suroeste de Isla Tierra del Fuego. No obstante, conocer las características biológicas, sanitarias y ecología trófica de esta población, es importante para comprender qué caracteres y/o adaptaciones le han permitido mantenerse en el tiempo.

Rango etario, sexo y variables morfométricas

Destaca que la mayor parte de los animales encontrados correspondió a subadultos, seguidos por lechones, adultos y juveniles, donde el 78% de los ejemplares no sobrevivió 24 meses y sólo el 13.5% superó los tres años. La disparidad en la proporción de individuos juveniles respecto de otros rangos etarios, puede estar relacionada a una temporada de caza más intensiva o dirigida y/o contingencias climáticas; seguido por una rápida recuperación de la población, como comúnmente se ha descrito para la especie (ejemplo Choquenot *et al.* 1996; Saunders and Giles, 2014). A partir de los resultados del análisis de la estructura por edades, sugerimos que la población Timaukel se ha mantenido con cierta estabilidad en el tiempo, concentrando la mortalidad en los grupos más jóvenes. No obstante, se recomienda realizar un análisis demográfico dinámico para obtener conclusiones al respecto.

En TDF no existieron diferencias globales de acuerdo a la proporción de hembras y machos (50:50). No obstante, en latitudes donde se observó un comportamiento migratorio estacional, la relación de sexo estuvo sesgada según la temporada de muestreo (ejemplo Heise–Pavlov y Heise–Pavlov, 2003).

Respecto de las variables morfométricas analizadas, los cerdos asilvestrados del suroeste de TDF, poseen una relativamente alta homogeneidad fenotípica a partir del año de edad, al comparar con otras poblaciones asilvestradas o centros locales de cría en Latinoamérica. No obstante, la Altura a la Cruz (Cr), que constituye un carácter poco influenciado por el ambiente (Díaz Montilla, 1965), no se presentó tan estable en los cerdos de Timaukel ($\bar{x}= 79.5 \pm 16$ cm) como las medidas de longitud de tarso ($\bar{x}= 27.3 \pm 0.8$ cm) y longitud de la oreja ($\bar{x}= 17 \pm 0.6$ cm). Sin embargo, al ser uno de los parámetros más estudiados en la especie permite comparar entre líneas o tipos raciales. Considerando lo anterior, el promedio de la Cr de los cerdos > 12 meses fue similar a lo encontrado en líneas de cerdo criollo argentino, brasileño, colombiano y uruguayo, cerdo ibérico y negro canario (López Fernández *et al.*, 1992; Cabello, 2005; Macedo *et al.*, 2008; Revidatti, 2009; McManus *et al.*, 2010). Siendo menor al tamaño descrito para las líneas comerciales Duroc, Yorkshire y Landrace (McManus *et al.*, 2010) y considerablemente superior a lo encontrado en líneas criollas de Méjico, Cuba, Ecuador y

Venezuela (para una revisión más exhaustiva respecto de la situación latinoamericana, recomendamos Revidatti, 2009).

La longitud del cuerpo, presentó alta correlación con la altura a la cruz, fue sin embargo más variable. No obstante, también califican al cerdo asilvestrado del suroeste de TDF como un animal grande respecto de la mayoría de las líneas criollas latinoamericanas y cerdo asilvestrado norteamericano (Mayer y Brisbin, 1991; Revidatti, 2009; McManus *et al.*, 2010). Esto puede explicar la permanencia de esta especie del sur de TDF, puesto que según lo señalado por Millar y Hickling (1990), los tamaños corporales grandes confieren a las especies mejores herramientas para sobrevivir en un medio ambiente hostil, permitiéndole una reducción relativa de la pérdida de calor y otorgándoles la habilidad de recorrer grandes distancias (Clutton-Brock y Harvey, 1983).

Color de la capa

Opuesto a los hallazgos de Talbot (1972) y Heise-Pavlov y Heise-Pavlov (2003), quienes detectaron la coloración Agoutí (cerdas negras con marcas blancas o rojizas) como la más frecuente en los cerdos asilvestrados del noreste de Australia y Nueva Guinea, la población de Timaukel estuvo principalmente dominada por individuos color arena-negro (AN) o negro uniforme (Ne). Ambos patrones son también los más frecuentes en las líneas ibéricas antiguas (ejemplo Manchado de Jabugo; Revidatti, 2009), siendo el Ne a su vez, el color más representado por cerdos asilvestrados de Méjico, Estados Unidos y de otras áreas de Australia (ejemplo Barret, 1971; Belden y Frankengerger, 1979; Mayer y Brisbin, 1991). Algunos autores sugieren relación con la presencia del Gen A (Agoutí) en los cerdos de Nueva Gales del Sur, con un origen ligado a *S. scrofa vittatus* y *Sus celebensis* (Choquenot *et al.*, 1996; Heise-Pavlov y Heise-Pavlov, 2003). Al igual que en otras latitudes, la ocurrencia de los fenotipos total (Bl) o parcialmente blanco (Dom, Btn, Cal), fue mucho menor en la población de TDF, y se presentó principalmente en las crías (ejemplo Mayer y Brisbin, 1991; Revidatti, 2009). Diversos autores han demostrado asociaciones entre el éxito reproductivo o supervivencia de acuerdo a las diferencias en el color del manto, con una mayor tasa de supervivencia del fenotipo Negro (Curio, 1973; Bantock *et al.*, 1976).

Reproducción

Los cerdos asilvestrados estudiados mostraron características reproductivas similares a lo descrito para la especie en otros ambientes donde ha sido introducida, con partos durante todo el año, aunque con cierta inclinación en épocas en que se espera mayor estabilidad climática y abundancia de alimentos (Taylor *et al.*, 1998; Saunders y Giles, 2014). En TDF casi la totalidad de las hembras mayores de un año presentaron actividad reproductiva, como preñez o lactancia, esto le confiere a la población ventajas para recuperarse rápidamente frente a episodios de alta mortalidad de jóvenes ($\bar{x} = 9.25$ fetos/hembra). Si bien, existe una gran variabilidad en los tamaños de camada descritos en Ecuador (Coblentz y Baber, 1987), Estados Unidos (Barrett, 1978; Sweeney *et al.*, 1979; Baber y Coblentz, 1987; Taylor *et al.*, 1998) y Australia (Pavlov, 1991; Saunders, 1993) la población de TDF presentó uno de los más bajos, casi un 21% bajo el promedio general ($\bar{x} = 5.8 \pm 1.6$). Creemos que esto puede estar relacionado a que los ecosistemas semi-áridos (hábitat más frecuente para esta exótica), podrían ofrecer mejores posibilidades para la sobrevivencia de las crías, con veranos secos e inviernos suaves (ejemplo Baber y Coblentz, 1987). En poblaciones de jabalí europeo, por ejemplo, la baja temperatura invernal constituye la principal causa de mortalidad en climas fríos (Melis *et al.*, 2006).

Si bien, el promedio de edad de las hembras gestantes de Timaukel ($\bar{x} = 28$ meses) fue mayor a lo descrito para otras latitudes (ejemplo Taylor *et al.*, 1998), encontramos hembras con actividad reproductiva a los 10 – 11 meses, similar a los resultados de McIlroy (1990) y Heise–Pavlov *et al.*, (2009), quienes detectaron madurez reproductiva incluso a partir de los 6 – 7 meses de edad, cuando las hembras alcanzan los 20–30kg de PV. Similar a lo que sucede con la especie en otras latitudes, se esperaría que en condiciones favorables, las cerdas de TDF puedan destetar dos camadas, de aproximadamente 10 lechones c/u, cada 15–20 meses, semejante a lo que ocurre en poblaciones de Estados Unidos (1.2 parto/año: Taylor *et al.*, 1998) y Australia (0.84–1.93 parto/año: Giles, 2014). Estos rangos aún están muy debajo de lo informado en algunas zonas de Nueva Zelanda por Dzięciołowski *et al.* (1992), con algunas hembras tenían tres camadas cada 14 a 16 meses, destetando a sus crías a partir de las seis semanas de edad. Según McIlroy (2010) esto puede responder a la disponibilidad de una dieta relativamente rica en proteínas (lombrices de tierra y carroña) que permite a los cerdos

asilvestrados de Nueva Zelanda anticipar su madurez y reproducirse con más frecuencia que otras poblaciones asilvestradas de la especie. Por otro lado, se espera que en poblaciones naturales, la madurez sexual temprana de las hembras impulse el destete temprano de las camadas, debido a la necesaria expulsión de los machos desde los grupos sociales, como una estrategia natural para el control de la endogamia (Clutton–Brock, 1979).

El moderado dimorfismo sexual encontrado en los cerdos asilvestrados de Timaukel, podría conferirle a los ejemplares más grandes, mejores oportunidades para la competencia y reproducción. No obstante, destaca el macho RB.30 que si bien poseía los colmillos más largos (aprox. 7cm de exposición) no fue el macho de mayor tamaño, y sin embargo a los seis años de edad fue identificado como padre de la mayor parte de los individuos mayores de 12 meses (como se sugirió en el Capítulo anterior). Esto puede deberse a que, si bien el tamaño y la edad están comúnmente relacionados con el dominio en los machos, de acuerdo a Berger (1977) y Clutton–Brock and Huchard (2013) es la edad el factor más relevante sobre el dominio social. Por lo tanto, se podría atribuir el éxito reproductivo de RB.30 a la sumatoria de: tamaño, edad y colmillos. Los colmillos juegan un importante rol en los signos visuales de dominación sexual y jerarquía en esta especie (Portmann, 1967; Thenius, 1970). Por otra parte, se debe tener en cuenta que, ser padre de múltiples hijos, pueda estar relacionado con una mayor heredabilidad de caracteres favorables para la sobrevivencia de la progenie.

La alta frecuencia de perfil subcónico en TDF, denota que la población aún conserva aquellas características primitivas propias del tronco ibérico descritas por Sanz *et al.* (2004). Esto apoya lo señalado por Crosby (1988) y Rodero *et al.*, (1992) quienes atribuyen al cerdo ibérico el mayor aporte sobre los fenotipos de las razas porcinas latinoamericanas. Otros rasgos atípicos como revinxe, mamelas y orejas erguidas también han sido identificados, aunque con modesta frecuencia, en otras poblaciones asilvestradas, así como en líneas criollas derivadas de la colonización española (Mariante *et al.*, 2003; Revidatti, 2009; Fuentes–Mascorro *et al.*, 2011).

Contrario a lo informado para la especie en otras latitudes, donde comúnmente ha sido identificado como un importante portador de endo y ectoparásitos, neumonías, rinitis,

tuberculosis, etc. (ejemplo Nugent *et al.*, 2002; Heise–Pavlov y Heise–Pavlov, 2004), los ejemplares analizados en este estudio no presentaron alteraciones físicas aparentes ni hallazgos patológicos macroscópicos a la necropsia. Esto puede estar relacionado con el aislamiento geográfico de la población de cerdos asilvestrados de Timaukel.

La prevalencia de *Haematopinus suis* (89%), similar a la encontrada en poblaciones asilvestradas de Australia y Estados Unidos (Heise–Pavlov y Heise–Pavlov, 2003; Schuster, 2011), responde al ingreso de este hemoparásito junto con su hospedador en la primeras etapas de introducción en TDF, y desde entonces ha permanecido en la población de suinos, transfiriéndose principalmente durante los eventos de cruce y lactancia (cuando los animales están físicamente muy cercanos), puesto que no hay evidencia de nuevas introducciones de cerdos en el área (detalles en Capítulo 1), ni de la presentación de *H. suis* sobre otros ungulados en TDF, como lo describió Kellogg *et al.* (1971) y Richardson y Demarais (1992) para *Odocoileus virginianus* y *Cervus nippon*, en Estados Unidos respectivamente. El análisis bacteriológico de los parásitos resultó negativo, por lo que el mayor perjuicio sobre la salud de los animales se debe generar a edades tempranas, produciendo molestia y en infestaciones graves, inclusive podría causar hasta la muerte (ejemplo Heise–Pavlov y Heise–Pavlov, 2003).

3.4.1 Ecología trófica

Nuestros resultados apoyan los trabajos previos que describen a los cerdos asilvestrados como animales esencialmente herbívoros oportunistas (ejemplo Choquenot y Ruscoe, 2003; Giles, 2014). La reconocida plasticidad de *Sus scrofa* le confiere la habilidad de coleccionar y consumir una gran variedad de alimentos de acuerdo al medio ambiente colonizado, por lo tanto, destaca la limitada variedad trófica encontrada en la población de Timaukel, compuesta principalmente por dos ítems: *Cyttaria darwinii* en RB y raíces de plantas vasculares en L4. Esta diversidad trófica fue particularmente baja respecto de lo descrito para la especie en otras latitudes, con un 55% menos de riqueza trófica promedio. Esto puede deberse a una limitada oferta de ítems preferidos por la especie como tubérculos, semillas, frutos, micromamíferos, aves, anfibios y reptiles (ejemplo Taylor y Hellgren, 1998), respecto de la abundancia relativa de otros, como raíces y *C. darwinii* en TDF.

Es esperable que en el hábitat de bosque del sector RB, *Cyttaria darwinii* el hongo parásito de *Nothofagus sp.* se encuentre más disponible, mientras que el bosque de L4, al estar más intervenido por manejo forestal permite un mayor ingreso de luz y consecuente crecimiento de una mayor cantidad de plantas vasculares. Además ofrece menos obstáculos a la hozadura, ya que también hay menos raíces arbóreas facilitando la hozadura, similar a lo visto por Giles (1980) en poblaciones del sureste de Australia.

A pesar que *Sus scrofa* es reconocido en otras latitudes como un importante consumidor de las partes superiores de vegetación herbácea (ejemplo Coblenz y Baber, 1987), esto no se vio en los cerdos de TDF, donde los escasos tallos y hojas de plantas estuvieron principalmente asociados a las raíces en una aparentemente ingesta involuntaria. Considerando que en este estudio el 75% de los contenidos de estómago analizados fue colectado en otoño–invierno, y sólo uno en verano, la alta incidencia de raíces puede deberse a una variación estacional de la dieta de *Sus scrofa* en L4, como lo evidenció Taylor y Hellgren (1998) en cerdos asilvestrados de Estados Unidos, donde el 75% de la dieta de primavera consistió en el consumo de los estratos superiores, mientras que las dietas de otoño fueron dominados por las partes subterráneas de la planta. No obstante, consideramos que esta importante diferencia trófica asociada a la variación estacional, no se ajusta exactamente a la situación de los cerdos asilvestrados del Timaukel, debido a que el consumo de hierba fresca es crucial para evitar la deshidratación en los ambientes semiáridos donde se ha descrito mayoritariamente esta especie (Saunders y Giles, 2014), mientras que el agua no es una limitante en el húmedo ambiente fueguino.

El menor consumo de alimentos de origen animal, si bien puede estar directamente relacionado con una oferta limitada en TDF, en la mayoría de los estudios sobre los hábitos alimentarios de la especie en Estados Unidos indicaron que los cerdos consumen cantidades relativamente pequeñas de éstos, con igual consumo de vertebrados e invertebrados (Barrett, 1978; Baber y Coblenz, 1987). Tampoco se encontraron evidencias de depredación sobre vertebrados, como lo evidenciado por Choquenot *et al.*, (1997), Saunders y Giles (2014) en Australia, y por Rowley (1970) y Beach (1993) en Estados Unidos. No obstante, como depredadores, los cerdos asilvestrados pueden significar una amenaza importante para la fauna

local, ya sea, por depredación directa sobre larvas de invertebrados nativos o mamíferos pequeños, como por constituir una competencia trófica importante para vertebrados nativos como *Lycalopex culpaeus lycoides* (endémico de TDF), *Vultur gryphus*, *Caracara plancus*, etc.



3.5 Referencias

- Andersson L y Georges M (2004) Domestic–animal genomics: deciphering the genetics of complex traits. *Nature Reviews Genetics* 5: 202–212
- Andersson L (2001) Genetic dissection of phenotypic diversity in farm animals. *Nature Reviews Genetics* 2(2): 130–138
- Baber DW y Coblenz BE (1987) Diet, nutrition, and conception in feral pigs on Santa Catalina Island. *Journal of Wildlife Management* 51(2): 306–317
- Bantock CR, Bayley JA y Harvey PH (1976) Simultaneous selective predation on two features of a mixed sibling species population. *Evolution* 29: 636–649
- Barret RH (1971) Ecology the feral hog in Tehama Country, California. PhD. Thesis, University of California, Berkeley. 368pp
- Barrett RH (1978) The feral hog on the Dye Creek Ranch, California. *Hilgardia* 46:283–355
- Beach R (1993) Depredation problems involving feral hogs. Feral swine: a compendium for resource managers. Texas Agricultural Extension Service, San Angelo, 67–75
- Belden RC y Frankenberger WB (1977) Management of feral hogs in Florida—past, present, and future. Research and management of wild hog populations. Clemson University, Georgetown, SC, USA, 5–10
- Benítez OW y Sánchez DM (2001) Los cerdos criollos en América Latina. En: FAO (ed.) Los cerdos locales en los sistemas tradicionales de producción. Estudio FAO Producción y Sanidad Animal 13: 35
- Berger J (1977) Organization systems and dominance in feral horses in the grand Canyon. *Behavioral Ecology and Sociobiology* 2: 131–146
- Brooks JE, Hussain I y Munir S (1989) Some preliminary observations on the biology of wild boar in Pakistan. Technical Report No. 19
- Cabello Robles A (2005) Contribución a la diferenciación morfológica de las variedades del cerdo ibérico como base para su conservación. Memoria para optar al grado de Doctor en Veterinaria. Universidad de Córdoba. España
- Caley P (1997) Movements, activity patterns and habitat use of feral pigs (*Sus scrofa*) in a tropical habitat. *Wildlife Research* 24(1): 77–87
- Chen K, Baxter T, Muir WM, Groenen MA y Schook LB (2007) Genetic Resources, Genome Mapping and Evolutionary Genomics of the Pig (*Sus scrofa*). *International Journal Of Biological Sciences* 3(3):153–165
- Choquenot D, Lukins B y Curran G (1997) Assessing Lamb Predation by Feral Pigs in Australia's Semi–Arid Rangelands. *Journal of Applied Ecology* 34 (6): 1445–1454
- Choquenot D, McIlroy J y Korn T (1996) Managing vertebrate pests: feral pigs. Bureau of Resource Sciences, Canberra, Australian Publishing Service, Canberra, Australian Capital Territory, Australia
- Choquenot D y Saunders G (1993) A Comparison of Three Ageing Techniques for Feral Pigs From Subalpine and Semi–Arid Habitats. *Wildlife Research* 20(2): 163–171
- Clutton–Brock TH y Harvey PH (1979) The Evolution of Adaptation by Natural Selection. *Proceedings of the Royal Society of London. Series B, Biological Sciences* 205(1161): 547–565
- Clutton–Brock TH y Harvey PH (1983) The functional significance of body size among mammals, pp. 632–663. En J. F. Eisenberg and D. G. Kleiman (eds.), *Advances in the*

Study of Mammalian Behavior. *Special Publication American Society of Mammalogists* No. 7

- Clutton-Brock TH y Huchard E (2013) Social competition and selection in males and females. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences* 368 (1631), 20130074
- Coblentz B y Baber D (1987) Biology and control of feral pigs on isla Santiago, Galapagos, Ecuador. *Journal of Applied Ecology* 24: 403–418
- Crosby A (1988) Imperialismo Biológico. Editorial Crítica. Barcelona. España
- Curio EB (1973) Towards a methodology of teleonomy. *Experientia* 29: 1045–1058
- De las Heras M y García JA (2008) Guía de diagnóstico de necropsia en patología porcina. Ed Servet. ISBN: 978-84-92569-01-4. pp 139–147
- Díaz Montilla R (1965) Ganado porcino. La Habana. Cuba
- Diong (1973) Studies of the Malayan wild pig in Perak and during the Oligocene and Johore. *Malayan Naturalist Journal* 26: 120–151
- Ditchkoff SS, Jolley DB, Sparklin BD, Hanson LB, Mitchell MS y Grand JB (2012). Reproduction in a population of wild pigs (*Sus scrofa*) subjected to lethal control. *The Journal of Wildlife Management* 76(6): 1235–1240
- Emmans G y Kyriazakis I (2000) Issues arising from genetic selection for growth and body composition characteristics in poultry and pigs. En: The Challenge of Genetic Change in Animal Production. British Society of Animal Science Occasional Publication no. 27, pp. 39–53 [WG Hill, SC Bishop, B McQuirk, JC McKay, G Simm and AJ Webb, editors]. Edinburgh: British Society of Animal Science
- Fang M, Larson G, Soares Ribeiro H, Li N y Andersson L (2009) Contrasting Mode of Evolution at a Coat Color Locus in Wild and Domestic Pigs. *PLoS Genetics* 5(1): e1000341.
- Fernández Ávila AI (2004) Estudio de la base genética del color de la capa y aplicaciones prácticas en porcino (Doctoral dissertation, Universidad Complutense de Madrid, Servicio de Publicaciones)
- Florence L (1921) The hog louse, *Haematopinus suis* Linne: its biology, anatomy, and histology. Nabu Press. 112 pp
- Fuentes-Mascorro G, Pérez VE y Carmona MMA (2011) Los bovinos criollos de Oaxaca y su importancia. En *Etnozoología de recursos zoogenéticos*. Oaxaca y Zulia Armadillo Editores México 1 – 9
- Geisser H y Reyer HU (2005) The influence of food and temperature on population density of wild boar *Sus scrofa* in the Thurgau (Switzerland). *Journal of Zoology* 267(1): 89–96
- Giles JR (1980) The ecology of the feral pig in Western N.S.W. PhD thesis, University of Sydney, Australia, 368 pp
- Gomez JJ y Cassini MH (2010) Uso de pelos de guardia para la identificación de mustélidos costeros en la Patagonia. *Revista de biología marina y oceanografía* 45(2): 359–363
- Hampton J, Pluske J y Spencer P (2004a) A preliminary genetic study of the social biology of feral pigs in south-western Australia and the implications for management. *Wildlife Resources* 31: 375–381
- Hancock JL (1959) Semen and testis characteristics and sexual behaviour of boars. *The Journal of Agricultural Science* 53(03): 313–326
- Heise-Pavlov PM y Heise-Pavlov SR (2003) Feral pigs in tropical lowland rainforest of north eastern Australia: ecology, zoonoses and management. *Wildlife Biology* 9 (Supplement 1): 21–27

- Heise–Pavlov PM y Heise–Pavlov SR (2004) Prevalence of selected parasites and leptospira in feral pigs from tropical north eastern Australia. *Galemys* 16: 211–220
- Heise–Pavlov PM, Heise–Pavlov SR y Nelson JE (2009) *Sus scrofa*: Population Structure, Reproduction and Condition in Tropical North–Eastern Australia. *Acta Silvatica & Lignaria Hungarica* 5: 179–188
- Kellogg FE, Kistner TP, Strickland RK y Gerrish RR (1971) Arthropod parasites collected from white–tailed deer. *Journal of Medical Entomology* 8(5): 495–498
- König HE y Liebich HG (2005) Veterinary Anatomy of Domestic Mammals: Textbook and Color Atlas
- Kranker S, Nielsen J, Bille–Hansen V y Bøtner A (1998) Experimental inoculation of swine at various stages of gestation with a Danish isolate of porcine reproductive and respiratory syndrome virus (PRRSV). *Veterinary microbiology* 61(1): 21–31
- Kunavongkrit A, Einarsson S y Settergren I (1982) Follicular development in primiparous lactating sows. *Animal Reproduction Science* 5(1): 47–56
- Lauvergne JJ y Canope L (1979) Etude de quelques variants colors du porc créole de la Guadeloupe. *Annales Génétique Sélection Animale* 11: 381–390
- López Fernández JL, Henríquez AA, Alvarez JC y Darmanin N (1992) Contribution to the study of Black Canary Pig. *Revista Archivos de Zootecnia* 41(154): 531–536
- Lowman BG, Scott N y Somerville S (1976) Condition Scoring of Cattle. *Rev. Ed. Bull. East of Scotland College of Agriculture*, No. 6
- Macedo F, Castro G y Fernández G (2008) Estudio preliminar de Componentes principales en características morfométricas y peso vivo de una muestra de cerdos mamellados del Uruguay”. IX Simposio Iberoamericano sobre Conservación y Utilización de recursos Zoogenéticos: 225–259. Mar del Plata – Argentina
- Mariante A, Castro STR, Albuquerque M, Paiva SR y GERMANO JL (2003) Biodiversidad Porcina En Brasil. *Revista Archivos de Zootecnia* 52: 245–248
- Matschke G (1967) Aging European Wild Hogs by Dentition. *Journal of Wildlife Management* 31(1): 109–113
- Mayer J y Brisbin I Jr (1991) Wild pigs in the United States: their history, comparative morphology, and current status. Univ. of Georgia Press, Athens. 313 pp
- McIlroy JC (1990) Aspects of the ecology of feral pigs (*Sus scrofa*) in the Murchison Area, New Zealand. *New Zealand Journal of Ecology* 12: 11–22
- McIlroy DR, Wagener G y Lee HT (2010) Neutrophil gelatinase–associated lipocalin and acute kidney injury after cardiac surgery: the effect of baseline renal function on diagnostic performance. *Clinical Journal of the American Society of Nephrology* 5(2): 211–219
- McIlroy JC (2001) Advances in New Zealand mammalogy 1990–2000: feral pig. *Journal of the Royal Society of New Zealand* 31(1): 225–231
- McManus C, Paiva SR, Silva AVR, Murata LS, Louvandini H, Cubillos GPB, Castro G, Martinez RA, Dellacasa MSL y Perez JE (2010) Phenotypic characterization of naturalized swine breeds in Brazil, Uruguay and Colombia. *Brazilian Archives of Biology and Technology* 53: 583–591
- McNeilly AS (1977) Physiology of lactation. *Journal of Biosocial Science* 9(S4): 5–21
- Melis C, Szafrńska PA, Jędrzejewska B y Bartoń K (2006) Biogeographical variation in the population density of wild boar *Sus scrofa* in western Eurasia. *Journal of Biology* 33(5):803–811

- Millar JS y Hickling GJ (1990) Fasting endurance and the evolution of mammalian body size. *Functional Ecology* 4:5–12
- Nugent G, Whitford J y Young, N (2002) Use of released pigs as sentinels for *Mycobacterium bovis*. *Journal of Wildlife Diseases* 38(4): 665–677
- Palmer WM, Teague HS y Venzke WG (1965) Macroscopic observations on the reproductive tract of the sow during lactation and early postweaning. *Journal of animal science* 24(2): 541–545
- Pavlov P (1991) Reproduction of feral pigs from eastern Australia. En: Bobek B, Perzanowski K, Regelion W (eds) Global trends in wildlife management. Trans. 18th IUGB Congress 1987. Swiat, Krakow–Warszawa, pp 215–218
- Pavlov PM y Edwards EC (1995) Feral pig ecology in Cape Tribulation National Park, North Queensland, Australia. *Journal of Mountain Ecology* 3:148–151
- Price EO (1999) Behavioral development in animals undergoing domestication. *Applied Animal Behaviour Science* 65(3): 245–271
- Revidatti MA (2009). Caracterización de cerdos criollos del Nordeste Argentino. Universidad de Córdoba, España
- Richardson ML y Demarais S (1992) Parasites and condition of coexisting populations of white-tailed and exotic deer in south-central Texas. *Journal of Wildlife Diseases* 28(3): 485–489
- Rodero A, Delgado JV y Rodero E (1992) Primitive Andalusian Livestock and their implications in the discovery of America. *Archivos de Zootecnia* 41 (extra): 383–400
- Rowley I (1970) Lamb predation in Australia: incidence, predisposing conditions, and the identification of wounds. *Wildlife Research* 15(1): 79–123
- Sanz R, Diéguez E y Cabello A (2004) Caracterización morfológica, productiva y reproductiva de las variedades del cerdo ibérico. Biodiversidad Porcina Iberoamericana. Caracterización y uso sustentable. Servicios de Publicaciones Universidad de Córdoba, España. Pp 209–217
- Saunders G (1993) The Demography of Feral Pigs (*Sus scrofa*) in Kosciusko National Park, New South Wales. *Wildlife Research* 20(5): 559–569
- Saunders G y Giles J (2014) Ecological comparison of two wild pig populations in semi-arid and sub-alpine Australia. *Journal of Mountain Ecology* 3: 152–155
- Schuster AL (2011) Spatial and temporal survey of feral pig ectoparasites in three Texas wildlife districts (Doctoral dissertation, Texas A&M University)
- Stevens RL (1996) The Feral Hog in Oklahoma. Samuel Roberts Noble Foundation, Ardmore, OK, USA
- Sweeney JM, Sweeney JR y Provost EE (1979) Reproductive biology of a feral hog population. *Journal of Wildlife Management* 43: 555–559
- Talbot NT (1972) Incidence and distribution of helminth and arthropod parasites of indigenous owned pigs in Papua New Guinea. *Tropical animal health and production* 4(3): 182–190
- Taylor RB, Hellgren EC, Gabor TM y Ilse LM (1998) Reproduction of Feral Pigs in Southern Texas. *Journal of Mammalogy* 79(4): 1325–1331
- Tisdell CA (1982) Wild Pigs: Environmental Pest or Economic Resource? Pergamon Press, Sydney
- Ullrey DE, Sprague JI, Becker DE y Miller ER (1965) Growth of the swine fetus. *Journal of Animal Science* 24(3): 711–717

- Wellock IJ, Emmans GC y Kyriazakis I (2003) Predicting the consequences of social stressors on pig food intake and performance. *Journal of Animal Science* 81(12): 2995–3007
- Witmer G, Sanders R y Taft A (2003) Feral swine—are they a disease threat to livestock in the United States? *Proceedings of the Wildlife Damage Management Conference* 10: 316–325





PARTE III

Conclusiones

Conclusiones generales

- La integración de herramientas de análisis molecular, análisis del conocimiento local y biológico de la población de cerdos asilvestrados del Parque Natural Karukinka, Isla Tierra del Fuego, permite generar una base informativa sobre la cuál gestar futuras estrategias de control, con lo que se aprueban las Hipótesis 1 y 3.
- No existen evidencias claras de introducción de cerdos asilvestrados desde centros de crianza local, o translocación de animales entre las poblaciones distribuidas en ambos extremos del Parque Natural Karukinka, con lo que se rechaza la Hipótesis 2.



Conclusiones parciales

- *Asociado al objetivo específico 1:* Los cerdos asilvestrados de Isla Tierra del Fuego chilena se originaron a partir de la introducción de dos líneas europeas diferentes. Una, relacionada con líneas antiguas introducidas directamente en el sector Timaukel a fines del siglo XIX, con o sin un paso previo por Oceanía. La otra, relacionada con la introducción de cerdos domésticos en el ecosistema fueguino argentino, habiéndose liberado primero en esa distribución, para luego migrar a Chile por el área de Vicuña.
- *Asociado al objetivo específico 2:* Los cerdos asilvestrados de Timaukel y Vicuña, reciben nulo o muy poco aporte a la variabilidad genética, a partir de los núcleos de crianza, ubicados al norte de Isla Tierra del Fuego.
- *Asociado al objetivo específico 3:* Los cerdos asilvestrados de Tierra del Fuego chilena conforman dos núcleos poblacionales independientes. El primero de presentación esporádica en Vicuña y el segundo conformando una población estable en Timaukel, con moderada variabilidad genética y organizada en pequeños grupos sociales de hembras y machos solitarios.
- *Asociado al objetivo específico 4:* Las poblaciones de cerdos asilvestrados de Tierra del Fuego habitan preferentemente en bosque mixto de *Nothofagus betuloides* – *N. pumilio*, asociado a cursos de agua y caminos, distribuidos en los sectores Río Bueno y Lote 4 por el suroeste, y La Canela y Laguna del Carabinero por el sureste.
- *Asociado al objetivo específico 5:* Aproximadamente 94.5 km de topografía y composición vegetal del Sur de Isla Tierra del Fuego chilena constituyen una barrera a la migración de cerdos asilvestrados entre ambos extremos del Parque Natural Karukinka. A su vez, no existen barreras geográficas al desplazamiento de los cerdos dentro y fuera de los límites del área protegida, o a la incorporación de cerdos desde Argentina por el sureste.

- *Asociado al objetivo específico 6:* La población de cerdos asilvestrados de Timaukel posee una relativamente alta homogeneidad fenotípica, representada por animales de tipo racial grande, pelaje con predominio del color arena–negro o negro completo, perfil subcóncavo y dimorfismo sexual poco marcado. Se detecta madurez reproductiva a partir de los 10 meses de edad para hembras y 17 meses para machos. Las hembras paren a lo largo de todo el año, principalmente a finales de invierno, con gestación de 9 fetos promedio por hembra y sobrevivencia aproximada de 4.6 crías por camada.
- *Asociado al objetivo específico 6:* La dieta de los cerdos asilvestrados de Timaukel consiste principalmente en la ingesta de raíces de gramíneas y dicotiledóneas como *Trifolium sp.*, *Ribes sp.*, *Ranunculus sp.* y *Taraxacum sp.* en el sector L4, y de cuerpos fructíferos de *Cyttaria darwinii*, en RB, con consumo oportunista de *Aulacopalpus pilicollis*, *Lumbricidae*, además de carroña de mamíferos silvestres. Corresponde a una población sin patologías aparentes, sólo con *Haematopinus suis* como ectoparásito.
- *Asociado al objetivo específico 7:* El diseño de una estrategia de control de esta exótica en el Parque Natural Karukinka, debe considerar dos poblaciones independientes con hábitat en los bosques naturales de Timaukel y Vicuña, de libre tránsito dentro y fuera del área protegida. Además debe ser diseñado con un enfoque social de apoyo local, considerando una estrategia cooperativa binacional. Una vez iniciada la gestión se debe mantener supervisión sobre los centros de crianza local.



PARTE IV

Epílogo

Consideraciones generales

Inherente a la expansión humana, ha aumentado considerablemente la introducción de especies domésticas en ambientes naturales (Di Castri 1989; Mack *et al.*, 2000), resultando en el aumento del interés por erradicarlas (ejemplo D'antonio y Kark, 2002). No obstante, luego de varias décadas de aplicación, aprendizaje e intentos de mejorar estrategias, los pocos resultados permanentes, se han concentrado casi exclusivamente en pequeñas islas (ejemplo Schuyler *et al.*, 2002). Por otro lado, destaca la preocupante situación de Las Galápagos, donde han ocurrido al menos nueve intentos de reintroducción de la cabra (*Capra hircus*), después de un largo y costoso proceso de erradicación (Carrión *et al.*, 2011).

Creemos que parte importante de este problema radica en que las estrategias de gestión no se han abarcado de forma multidimensional. Históricamente, los planes de erradicación se han centrado en la búsqueda de los mejores métodos para dar muerte al mayor número de ejemplares, al menor costo posible. Esto, en sí mismo ha tenido un limitado porcentaje de éxito, con el consecuente repunte de las poblaciones invasoras, ampliación de la distribución o efectos colaterales indeseados como mortalidad de especies no objetivo, o incluso, la adquisición de vicios por parte de locales que acostumbrarían ocultar ejemplares de la especie invasora, con motivo de asegurar una fuente de trabajo futuro. Esto ha generado un prejuicio global, que los planes de manejo de invasoras poseen mal pronóstico, son excesivamente caros, lentos e incluso engañosos.

Sin embargo, el estudio de la situación precisa de una invasora limita las posibilidades de error en la elaboración de planes de gestión, permitiendo reconocer los puntos fuertes y débiles de las poblaciones, las causas de la invasión y asociarlos a causales humanas (ejemplo Carrión *et al.*, 2011). A partir de esta información basal se pueden estimar los costos de acción, tiempo y reacción. Por ejemplo, el ejercicio realizado por locales del sector Timaukel, quienes capturan lechones para marcarlos y luego liberarlos en el ambiente natural, cobra relevancia en la gestión de esta población, evidenciando una despreocupación por controlar o erradicar esta exótica del Parque Natural Karukinka. Es por ello que reconocer las características genéticas de los cerdos asilvestrados y de crianza local, constituye una importante herramienta de

monitoreo molecular, permitiendo identificar y/o relacionar un evento de reintroducción o translocación con un origen conocido.

Por otro lado, los cerdos asilvestrados del Parque Natural Karukinka, en el contexto de la ausencia de grandes depredadores, amenazas sanitarias importantes, adaptación a la disponibilidad trófica, además de la heredabilidad de caracteres fenotípicos como rusticidad, alto potencial reproductivo y resistencia al medio, sitúa a la población de cerdos asilvestrados del suroeste de TDF en un mejor escenario que otras poblaciones, en otras latitudes.

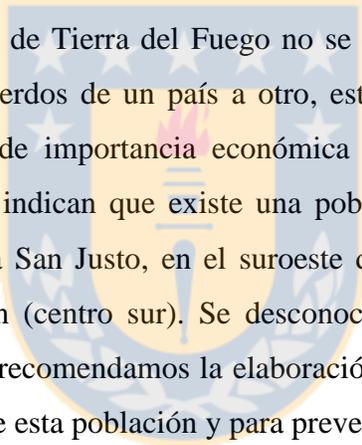
Parte importante del quehacer científico radica en buscar nuevas alternativas de solución a los problemas de la humanidad, tendiendo a la mantención del equilibrio de los ecosistemas. En este estudio se aúnan metodologías modernas con estrategias de uso convencional para exponer el pasado, presente y augurar en parte, el futuro de la población de cerdos asilvestrados del sur de Isla Tierra del Fuego, Chile. A partir de los resultados obtenidos, actualmente se reconocen dos poblaciones distribuidas en ambos extremos del Parque Natural Karukinka. Además, que no se han producido eventos reincidentes de liberación en el área, ni translocación de animales como se ha visto en otras distribuciones de la especie en el mundo. Poseen una población estable y acotada en la distribución suroeste, conforme a las exigencias del clima y disponibilidad de alimento.

Implicaciones para el control

De acuerdo con los resultados, el diseño de una estrategia de erradicación de esta invasora en Karukinka, hoy requiere considerar las dos poblaciones como núcleos independientes, con áreas de distribución en las fronteras de Timaukel y Vicuña, con muy poca o nula presencia de animales en otras zonas del Parque. Recomendamos además considerar, que actualmente ambos grupos demográficos se desplazan libremente dentro y fuera del área protegida, constituyendo una fuerza opuesta a cualquier estrategia de control que se despliegue dentro de los límites del Parque Natural Karukinka.

Dado el valor ecológico que posee el ecosistema nativo de Karukinka hay una necesidad de gestión o erradicación de ésta y otras especies invasoras (Soto y Cabello, 2007). Como la zona

de Timaukel colinda con estancias ganaderas y un pequeño centro urbano, cualquier estrategia de control debe implementada con un enfoque social, para reducir el riesgo de nuevas introducciones y limitar la potencial transmisión de enfermedades zoonóticas y al ganado (Cruz *et al.*, 2005; Parkes *et al.*, 2010). Aunque no se evidenció que la población silvestre haya incorporado variabilidad genética a partir de introducciones recientes, se sugiere que es tiempo de comenzar un plan de control para limitar esta posibilidad. De acuerdo a Kolbe *et al.* (2004), Frankham (2005) y Novak y Mack (2005) las nuevas combinaciones genéticas podrían promover el éxito de las poblaciones salvajes, lo que pondría el entorno fueguino aún más en riesgo. Reconociendo que en esta distribución, se encontró un mayor número de animales residentes en los bosques aledaños al área protegida, la erradicación de cerdos asilvestrados en Río Bueno tendrá un pronóstico desfavorable si no se eliminan los ejemplares de Lote 4.



La frontera Chileno–Argentina de Tierra del Fuego no se define por una barrera geográfica que limite el movimiento de cerdos de un país a otro, esto anticipa un riesgo potencial de transmisión de enfermedades de importancia económica y zoonótica entre ambos países. Algunos residentes argentinos indican que existe una población de cerdos asilvestrados en zonas adyacentes a la Estancia San Justo, en el suroeste de la TDF argentina (adyacente a Vicuña) y en Estancia Carmen (centro sur). Se desconoce la situación e historia de estas poblaciones. En consecuencia, recomendamos la elaboración de un plan de acción binacional para el control o erradicación de esta población y para prevenir nuevas invasiones.

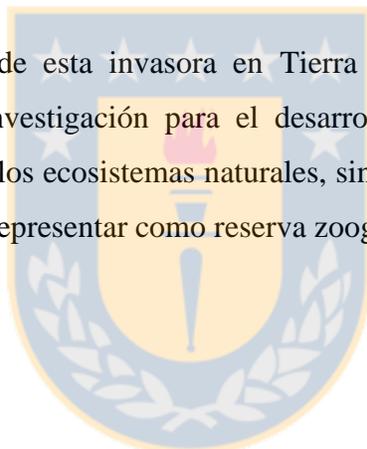
En resumen, las dos poblaciones de cerdos asilvestrados de TDF chilena tienen en común el aislamiento, la baja variabilidad genética y el limitado número de individuos; sugerimos que es un buen momento para comenzar con un plan de erradicación de esta exótica. Una de las principales consecuencias de rechazar esta recomendación es que las dos poblaciones son muy sensibles a los nuevos episodios de introducción de cerdos, sobre todo porque se distribuyen dentro y fuera de la zona protegida, lo que limita su seguimiento.

Valor intrínseco

Comprendiendo la necesidad de controlar esta exótica, que constituye un riesgo para los ecosistemas naturales, no se debe obviar lo siguiente:

Si bien *Sus scrofa* asilvestrado ha sido catalogado por Lowe (2004) como una de las “100 especies exóticas invasoras más dañinas del mundo”, a la vez es valorado como un recurso alimenticio, social y económico de importancia global, habiendo sido incorporado en la “lista mundial de vigilancia para la diversidad de los animales domésticos” (FAO/UNEP, 1997). Considerando además, que la eficiencia metabólica demostrada por las poblaciones de cerdos asilvestrados, aporta un valor adicional como herramienta de análisis en pro de la salud humana (Hausman *et al.*, 1983).

En consecuencia, el manejo de esta invasora en Tierra del Fuego, constituye un campo interesante y desafiante de investigación para el desarrollo de estrategias de control que promuevan la preservación de los ecosistemas naturales, sin perder de vista el valor intrínseco que estas poblaciones puedan representar como reserva zoogenética de animales domésticos.



Referencias Epílogo

- Carrion V, Donlan CJ, Campbell K, Lavoie C y Cruz F (2011) Archipelago-wide island restoration in the Galápagos Islands: reducing costs of invasive mammal eradication programs and reinvasion risk. *PloS one* 6(5): e18835
- Cruz F, Josh Donlan C, Campbell K y Carrion V (2005) Conservation action in the Galapagos: feral pig (*Sus scrofa*) eradication from Santiago Island. *Biological Conservation* 121(3): 473–478
- D'Antonio CM y Kark S (2002) Impacts and extent of biotic invasions in terrestrial ecosystems. *Trends in Ecology & Evolution* 17: 202–204
- Di Castri F (1989) History of biological invasions with special emphasis on the Old World. En: Drake JA, di Castri F, Groves RH, Kruger FJ, Mooney HA, Rejmánek M y MH Williams (eds) *Biological Invasions: a global perspective*: 1–30. John Wiley & Sons, New York, New York, USA
- Frankham R (2005) Resolving the genetic paradox in invasive species. *Heredity* 94:385
- Hausman GJ, Campion DR y Thomas GB (1983) Adipose tissue cellularity and histochemistry in fetal swine as affected by genetic selection for high or low backfat. *Journal of Lipid Research* 24(3): 223–228
- Johnson AS, Minh SL, Mäki-tanila A, Mamodou K, Mariante A, Obata T, Posavi M, Sauveroché B, Scherf BD y Schwartz HJ (1997) Lista Mundial de Vigilancia para la Diversidad de los Animales Domésticos. 2 Edición
- Kolbe JJ, Glor RE, Rodríguez L, Chamizo AR, Larson A y Losos JB (2004) Genetic variation increases during biological invasion by a Cuban lizard. *Nature* 431: 177–181
- Lowe S, Browne M, Boudjelas S y de Poorler M (2004) 100 de las Especies Exóticas más Dañinas del Mundo. Una Selección del Global Invasive Species Database, Auckland, Grupo Especialista de Especies Invasoras (CSE-IUCN)
- Mack RN, Simberloff D, Lonsdale WM, Evans H, Clout M y Bazzaz FA (2000) Biotic invasions: causes, epidemiology, global consequences, and control. *Ecological Applications* 10: 689–710
- Novak SJ y Mack RN (2005) Genetic bottlenecks in alien plant species: influences of mating systems and introduction dynamics. En: Sax DF, Stachowicz JJ, Gaines SD (ed) *Species Invasions: Insights into Ecology, Evolution, and Biogeography*. Sinauer Associates, Sunderland, Massachusetts. 480pp
- Parkes JP, Ramsey DS, Macdonald N, Walker K, Mcknight S, Cohen BS y Morrison SA (2010). Rapid eradication of feral pigs (*Sus scrofa*) from Santa Cruz Island, California. *Biological Conservation* 143: 634–641
- Schuyler PT, Garcelon DK y Escover S (2002) Eradication of feral pigs (*Sus scrofa*) on Santa Catalina island, California, USA. Veitch, CR and MN Clout. Turning the tide: the eradication of invasive species. IUCN Species Specialist Group. IUCN, Gland Switzerland and Cambridge, UK 274–286
- Soto N y Cabello J (2007) Informe Final Programa “Control de fauna dañina en la XII Región, 2004–2007”, Punta Arenas, Chile. Informe Técnico. Servicio Agrícola y Ganadero, SAG, FONDEMA (Código BIP 30.027.043-0) – GORE Magallanes y Antártica Chilena. 45 pp



ANEXO I

Georeferenciación de los sitios de captura de cerdos
asilvestrados en el ecosistema natural del sur de
Tierra del Fuego

Figura 1a Mapa esquemático de la distribución de los cerdos asilvestrados en el Parque Natural Karukinka, en relación con el ecosistema del sur de TDF chilena. Las zonas de vegetación y de elevación se basan en archivos de Wildlife Conservation Society - WCS (2007-2011). Estrellas azules indican ubicación aproximada de transectos

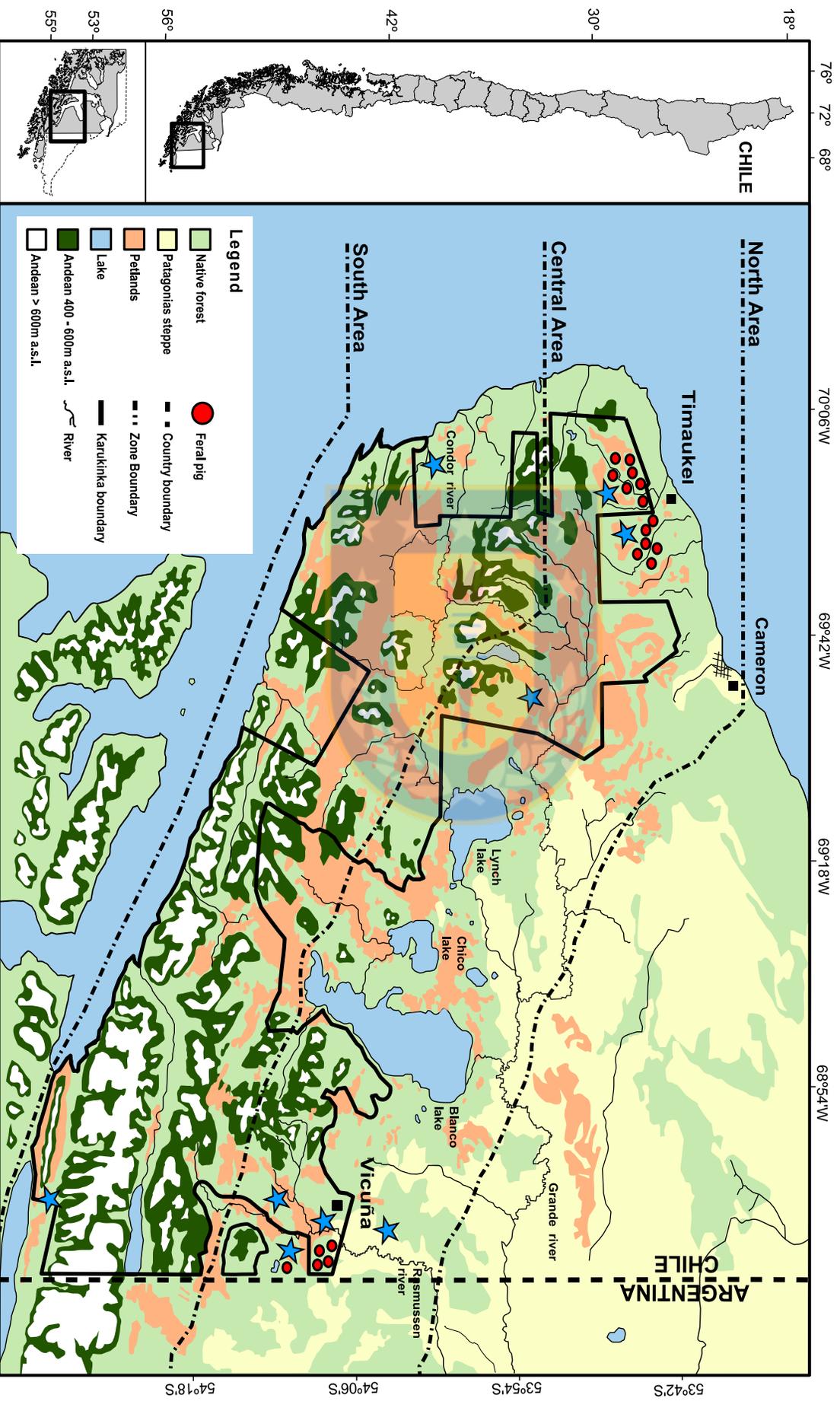


Figura 1b Imagen satelital de los lugares de colecta de cerdos asilvestrados en la zona SO del Parque Natural Karukinka. Círculos celestes indican animales dentro de los límites del Parque. Rombos blancos indican individuos fuera del Parque. RB: Sector Río Bueno; L4: Sector Lote 4

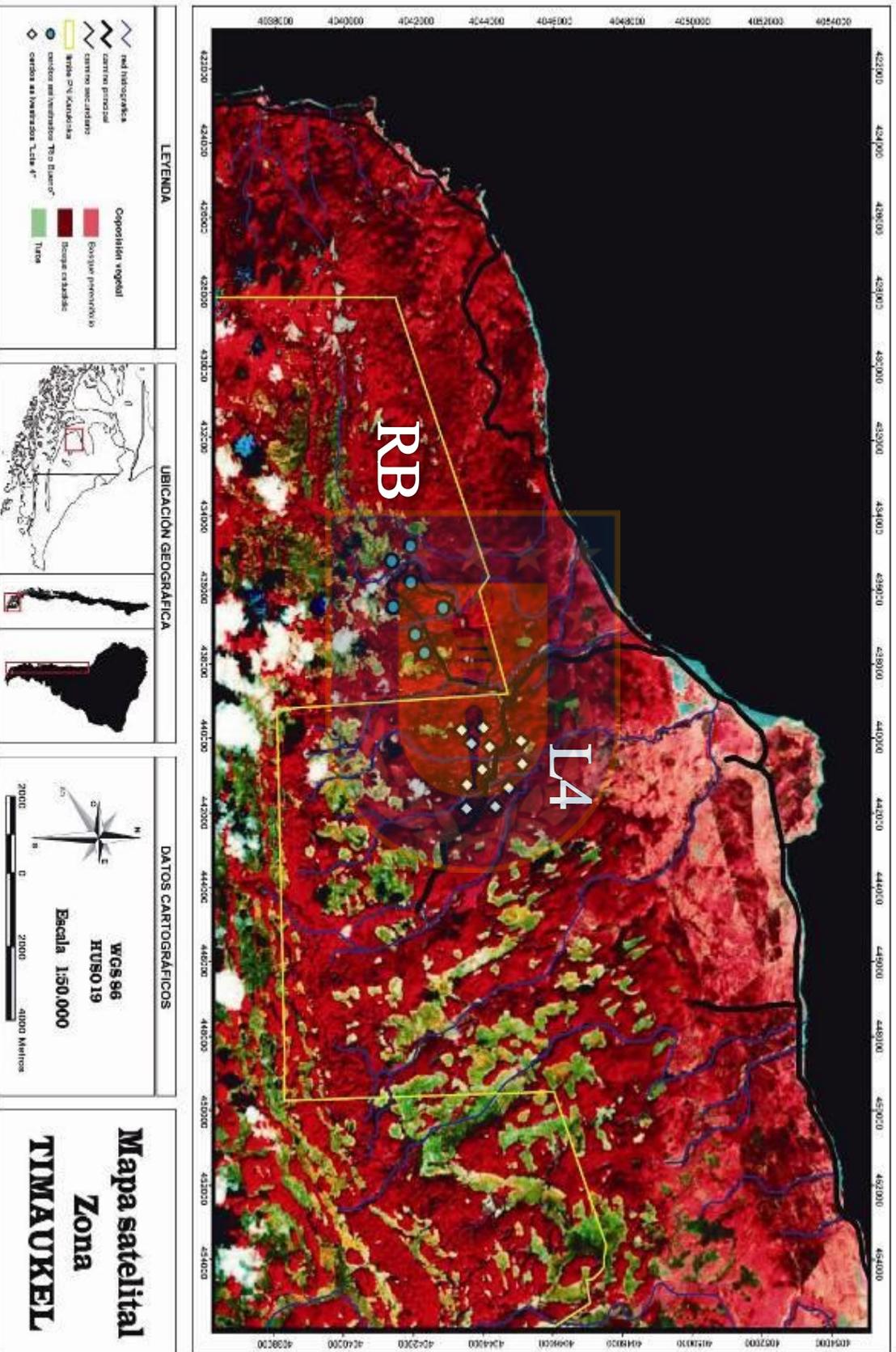
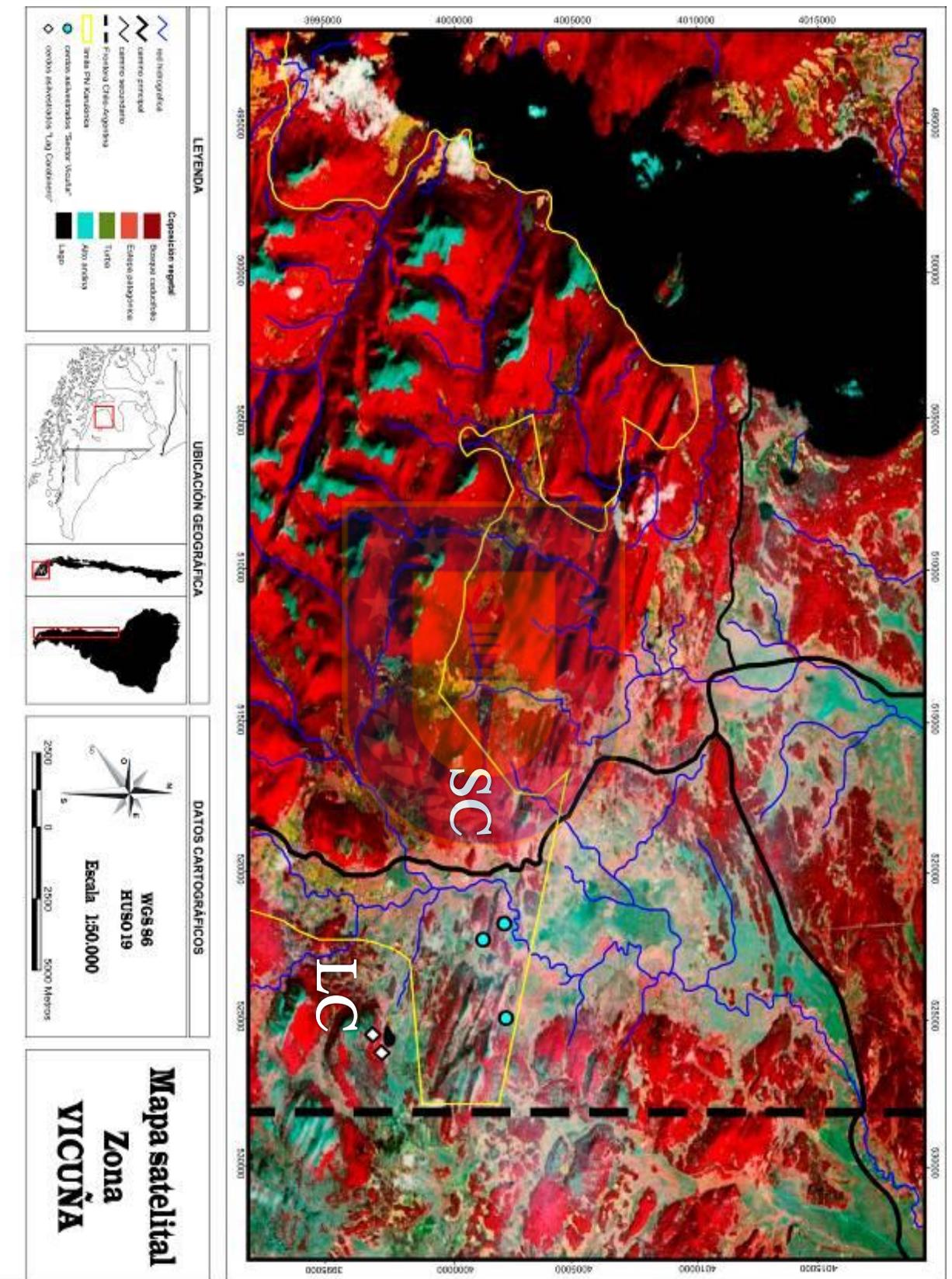


Figura 1c Imagen satelital de los lugares de colecta de cerdos asilvestrados en la zona SE del Parque Natural Karukinka. Círculos celestes indican animales dentro de los límites del Parque. Rombos blancos indican individuos fuera del Parque. SC: Sector La Camela; LC: Sector Laguna del carabinero





ANEXO II

Sistema de identificación de las muestras

RB	L4	SV	LC	N° _____
FECHA: _____		HORA: _____		
A (LC): _____ cm		F (LN): _____ cm		
B (Co): _____ cm		E (LO): _____ cm		
C (LT): _____ cm		DiaTes: _____ cm		
D (Cr): _____ cm				
COLOR: <input type="checkbox"/> NE <input type="checkbox"/> BL <input type="checkbox"/> RO <input type="checkbox"/> CE				
SEXO: <input type="checkbox"/> ♀ <input type="checkbox"/> ♂ EDAD: _____				

Ambiente: Bosq Estep Turba

CC: 1 2 3 4 5 FAT: _____ cm

MUESTRAS ADN: H M O Cont est

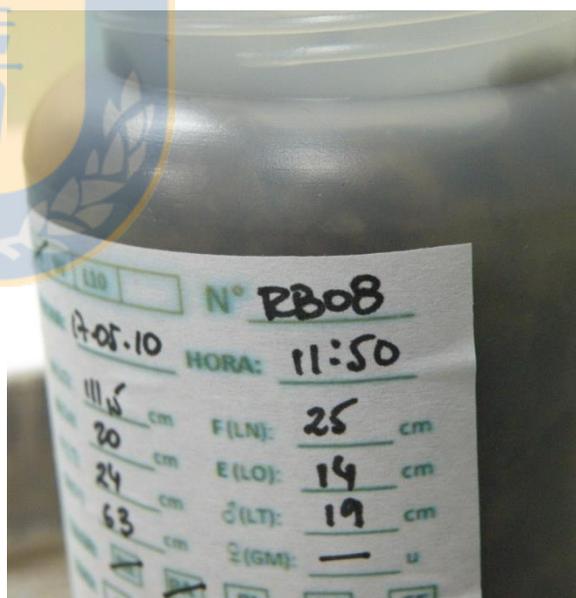
OTRAS: HEZ OVA DIAF PAR IN PAR EX

Lesiones o marcas

Obs: _____

A

RB	SV	L10	N° _____
FECHA: _____		HORA: _____	
A (LC): _____ cm		F (LN): _____ cm	
B (Co): _____ cm		E (LO): _____ cm	
C (LT): _____ cm		♂ (LT): _____ cm	
D (Cr): _____ cm		♀ (GM): _____ u	
COLOR: <input type="checkbox"/> NE <input type="checkbox"/> PA <input type="checkbox"/> BL <input type="checkbox"/> RO <input type="checkbox"/> CE			
SEXO: <input type="checkbox"/> ♀ <input type="checkbox"/> ♂ EDAD: _____			
Ambiente: <input type="checkbox"/> Bosq <input type="checkbox"/> Estep <input type="checkbox"/> Turba			
CC: <input type="checkbox"/> 1 <input type="checkbox"/> 2 <input type="checkbox"/> 3 <input type="checkbox"/> 4 <input type="checkbox"/> 5		PESO: _____	
MUESTRAS ADN: <input type="checkbox"/> H <input type="checkbox"/> M <input type="checkbox"/> O <input type="checkbox"/> Cont est			
OTRAS: <input type="checkbox"/> TEST <input type="checkbox"/> OVA <input type="checkbox"/> CRAN <input type="checkbox"/> PAR IN <input type="checkbox"/> PAR EX			
Obs: _____			



B

Figura II (A) Sistema de etiquetas de identificación (ambas caras) utilizadas para marcar muestras de tejido. **(B)** Rotulado de muestras de contenido estomacal de cerdos asilvestrados de Tierra del Fuego, Chile



ANEXO III

Encuesta

ENCUESTA

PRESENCIA. ABUNDANCIA Y PROBLEMAS ASOCIADOS A LA EXISTENCIA DE CERDOS ASILVESTRADOS EN ISLA TIERRA DEL FUEGO

DATOS DE REFERENCIA:

Nombre informante: _____

Pueblo o Ciudad: _____ Región: _____

Fono contacto: _____ Años de permanencia en la Zona: _____

Actividad: _____

1. PRESENCIA Marque con **una X** la opción más cercana a la realidad. En caso que corresponda escriba su comentario.

		CERDO ASILVESTRADO	CERDO DOMESTICO*
Existencia Hay individuos libres en la región	SI		
	NO		
	probable		
Introducción: Lugar y fecha de introducción en TDF	Zona de origen		
	Fecha de 1°(s) introducción (es)		
	Lugar donde se introdujo x primera vez		
	Responsable(s)		
	Motivo (s)		
Tiempo La última vez que vio un ejemplar fue hace	más de 5 meses		
	5 a 1 mes		
	menos de 1 mes		
Actividad Condición o actividad en que vio al (los) ejemplar(es): (1) alimentándose. (2) transitando. (3) durmiendo. (4) Señale si vio un cadáver. (5) otra. cuál?			

2. CERDOS ASILVESTRADOS

2.1 DISTRIBUCIÓN Y ABUNDANCIA Responda acerca de la distribución de la especie para el área.

		CERDO ASILVESTRADO
<u>Distribución</u> Proporción que cubre la especie en su distribución actual en el área. sector. comuna o región que informa	10%	
	25%	
	50%	
	100%	
	ns/nr	
<u>Evolución</u> de la presencia de la especie	Aumenta	
	Disminuye	
	Estable	
	ns/nr	
<u>Abundancia</u> Tamaño de la población en números de individuos o cabezas aproximados	1 a 100	
	100 a 300	
	300 a 1000	
	más de 1000	
Favor indique si la información aquí entregada se refiere a un área específica. sector. isla o comuna.		

2.2.1. Factores que pueden frenar o alterar el avance esta población

		CERDO ASILVESTRADO
Factores ambientales	Accidentes geográficos x	
	Clima	
	Alimento	
	Depredadores naturales	
	otros	
Factores humanos	Caza o captura	
	Persecución	
	Otros	

2.2. PROBLEMAS O DAÑOS Favor marque mediante una X los principales daños o problemas (uno o varios) que ocasiona la especie presente en el área o región que informa.

		CERDO ASILVESTRADO
Factores ambientales	Depreda sobre animales nativos	
	Consume flora nativa	
	Alteración del paisaje	
	Competencia con especies nativas	
Factor económico o social	Daño sobre agricultura	
	Daño sobre ganadería	
	Contaminación agua o suelo	
	Daño directo o ataque a personas	
	Daño a la propiedad pública	
	Otros daños	
	Costo aproximado de los daños (\$)	

Se agradece señalar y fundamentar su apreciación respecto de la presencia de cerdos asilvestrados en la(s) zona(s) descrita(s)

En el caso de haber CERDOS EN CAUTIVERIO*:

Población y Distribución: Zonas donde hay cerdos mantenidos en cautiverio en TDF Argentina y cantidad aproximada de individuos.	
Seguridad: Estructura y mantenimiento de los cercos y corrales. (1)Deficiente. (2)Regular. (3)Bueno. (4)Muy bueno	
Estado sanitario en que se encuentran los animales. (1)Sin enfermedad aparente. (2) con problemas de piel. (3) lesiones en extremidades. (4) decaimiento. (5) parásitos externos. (6) otros: cuál?	
Procedencia Lugar de origen de los ejemplares. Señalar además si corresponden o no a capturas desde el medio silvestre	

ANEXO IV

Signos de la presencia de cerdos asilvestrados
en el Parque Natural Karukinka



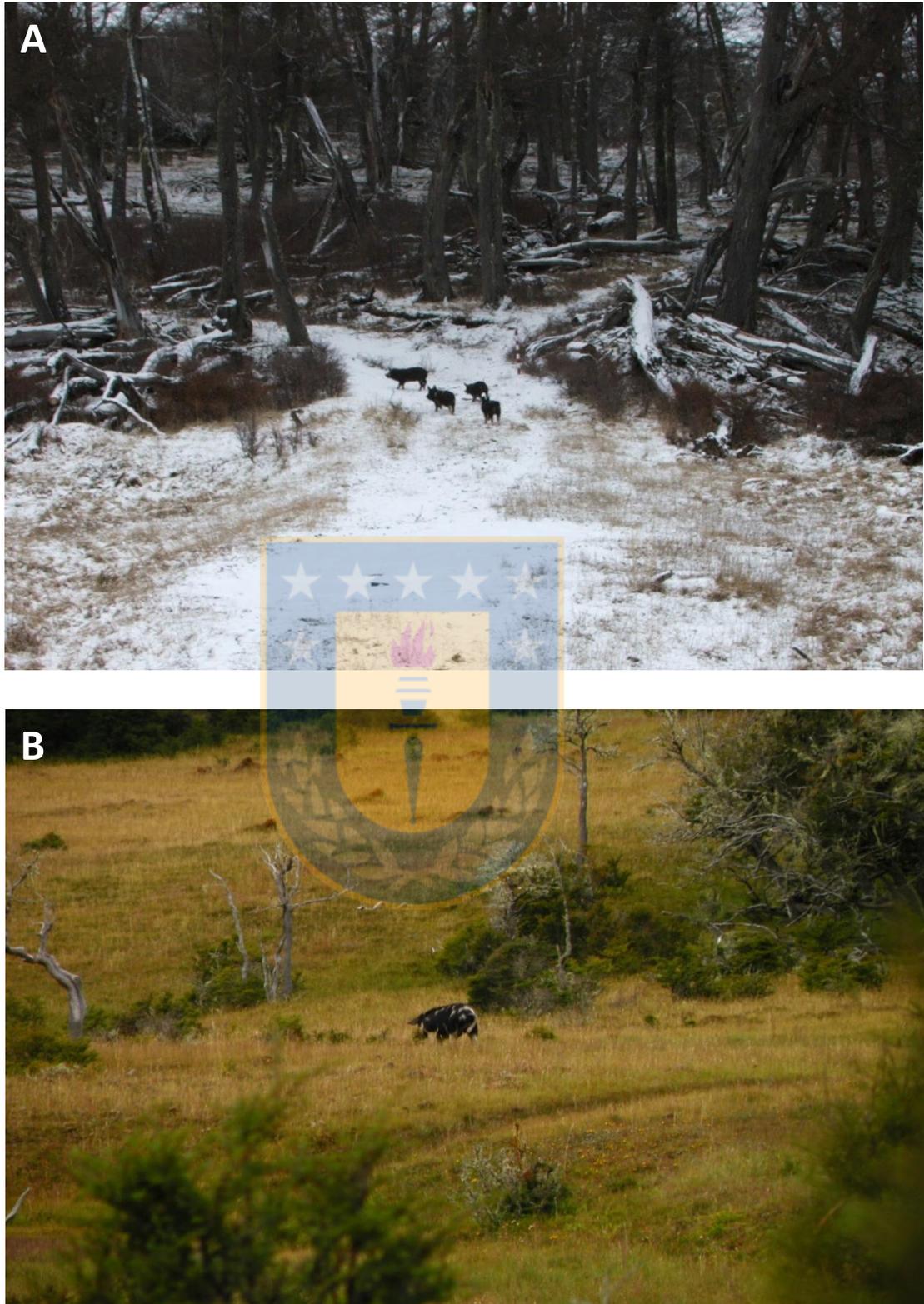


Figura IVa. Cerdos asilvestrados en el ambiente natural de Karukinka A: Bosque de *Nothofagus* del Sector Vicuña (Foto: Manuel Sanchez. invierno 2009); B: Ejemplar adulto hozando a orillas del río Rasmussen (verano 2010)

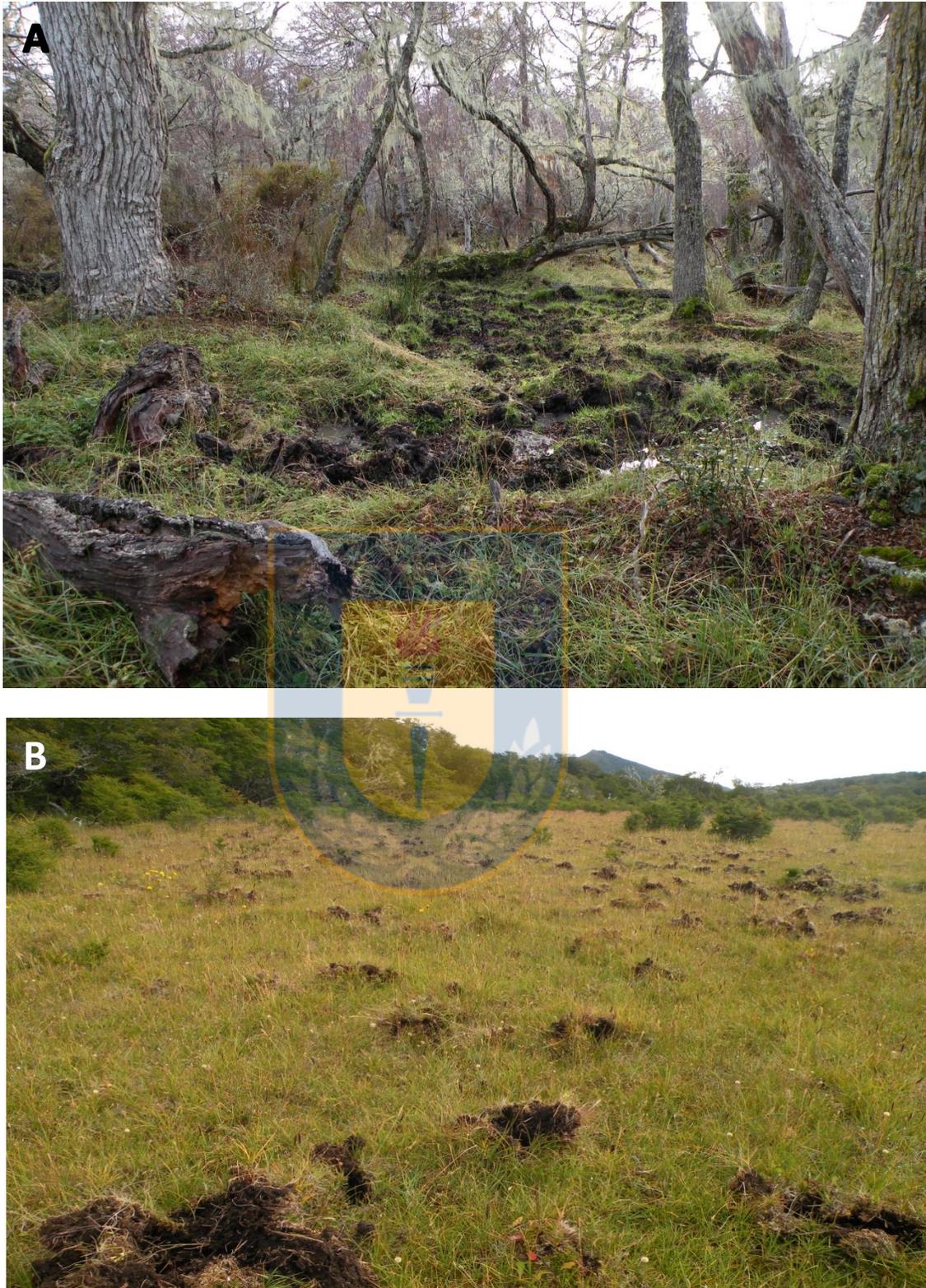


Figura IVb. Impacto por hozadura en A: bosques de Timaukel (octubre 2010) y B: estepa en Sector Vicuña (verano 2010). Este último es consecuencia del paso de un solo macho adulto durante una mañana



Figura IVc. Huellas de cerdos asilvestrados en (A) Rio Bueno (otoño 2010) y (B) Lote 4 (otoño 2011). Las flechas muestran la marca típica que dejan las guardas en el cerdo doméstico



Figura IVd. Bañadero de cerdos asilvestrados en (A) Río Bueno (verano 2010) y (B) Lote 4 (otoño 2010)



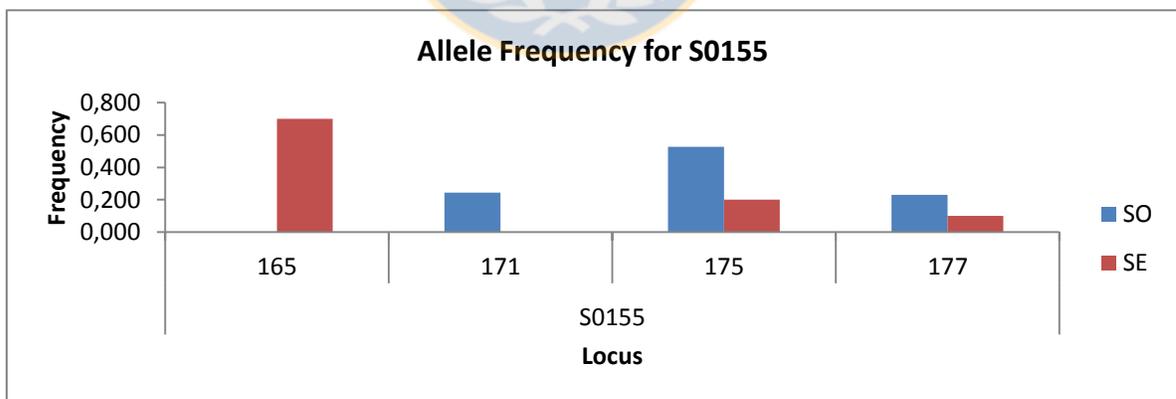
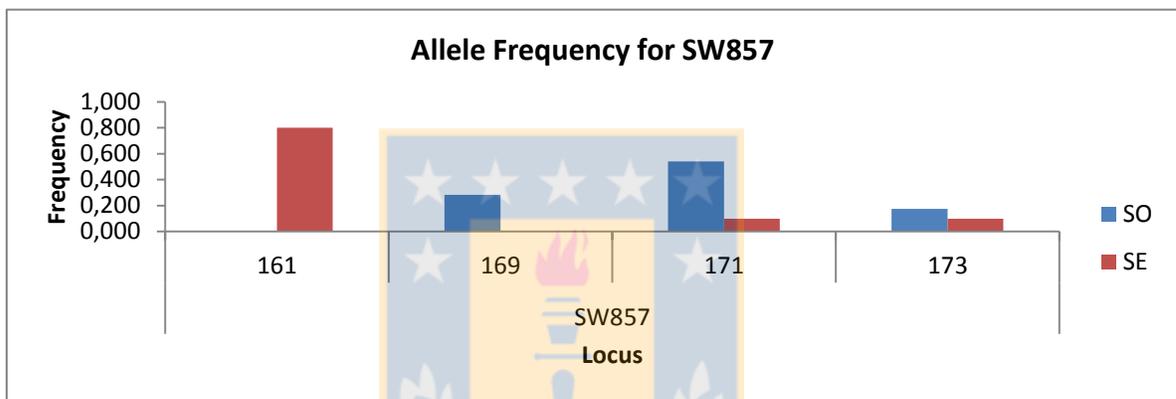
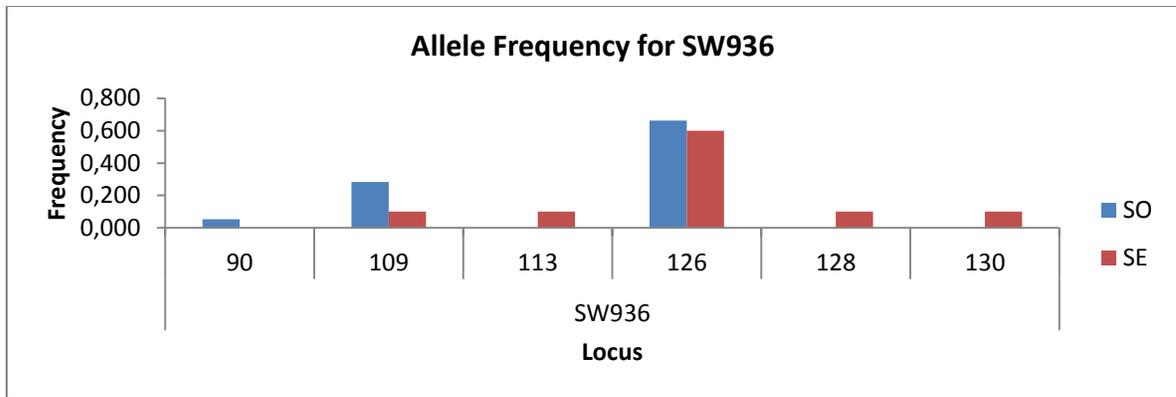
Figura IVe. Heces de cerdos asilvestrados en A: Río Bueno (verano 2010) y B: Lote 4 (otoño 2010). La dieta oportunista de cerdos asilvestrados deja ver heces de variable color y consistencia

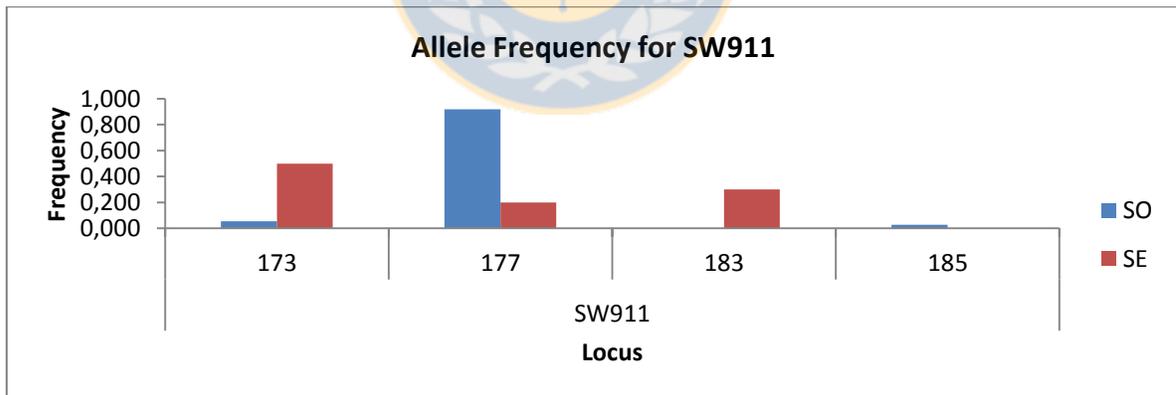
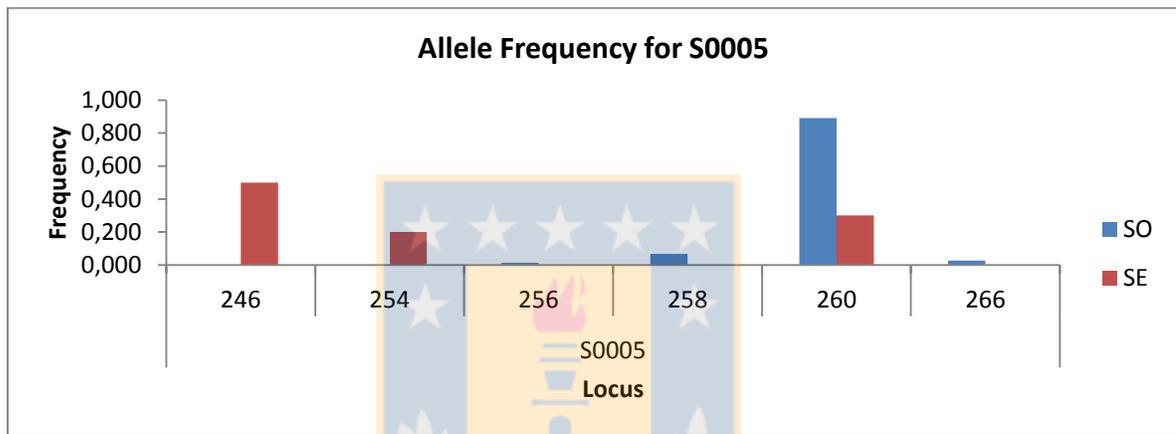
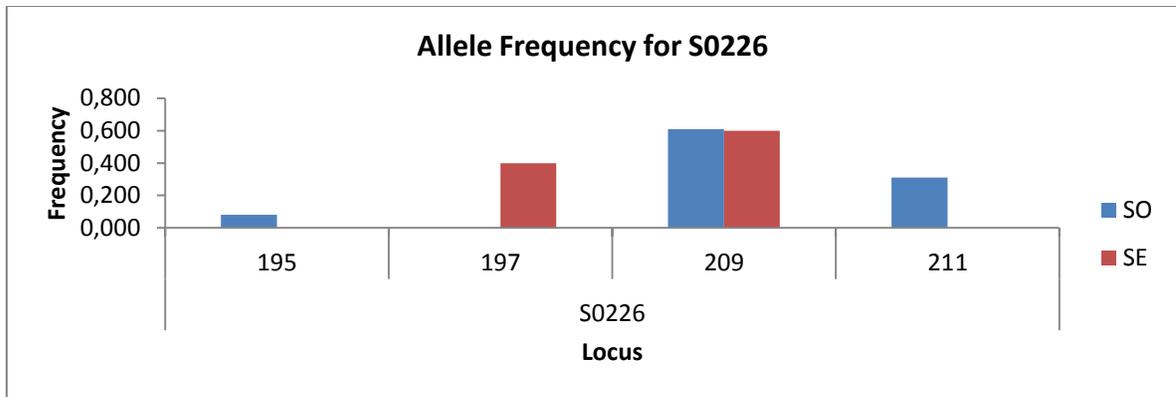


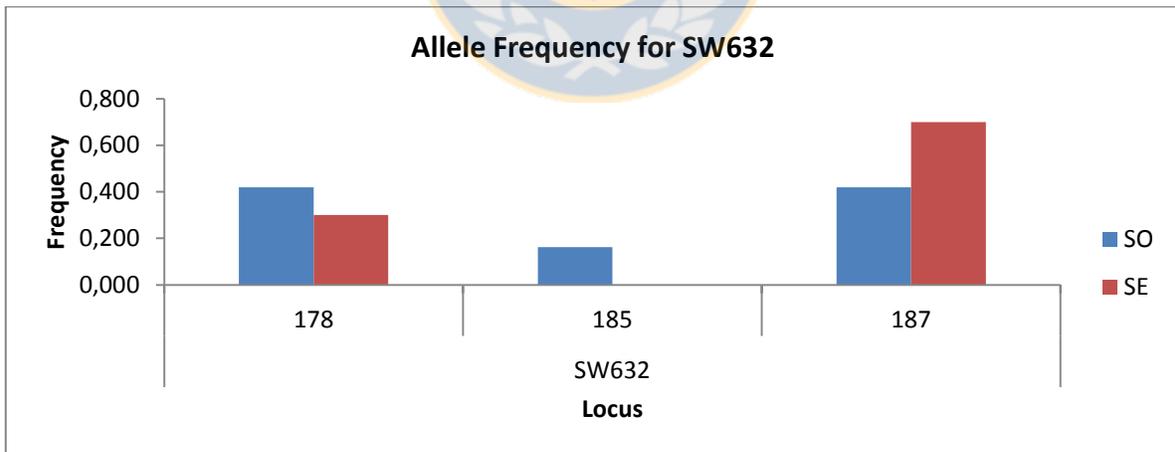
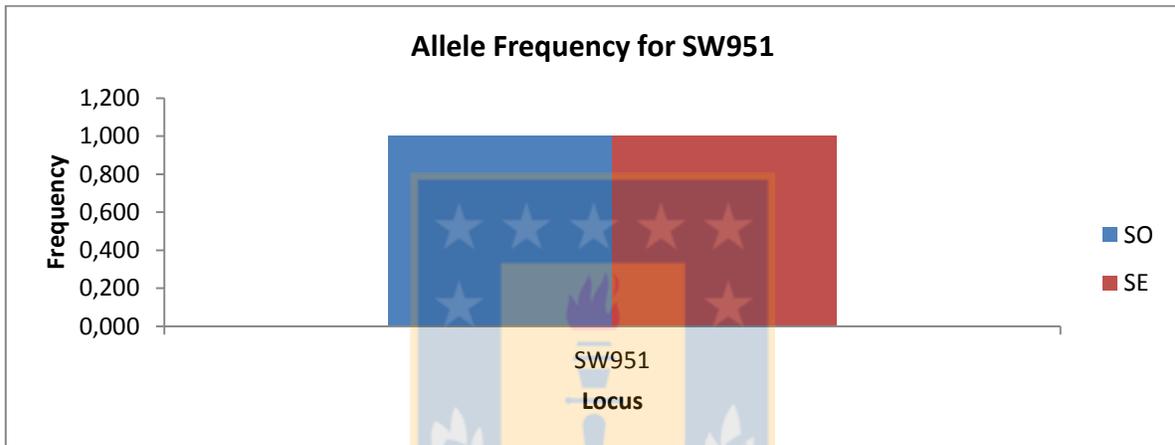
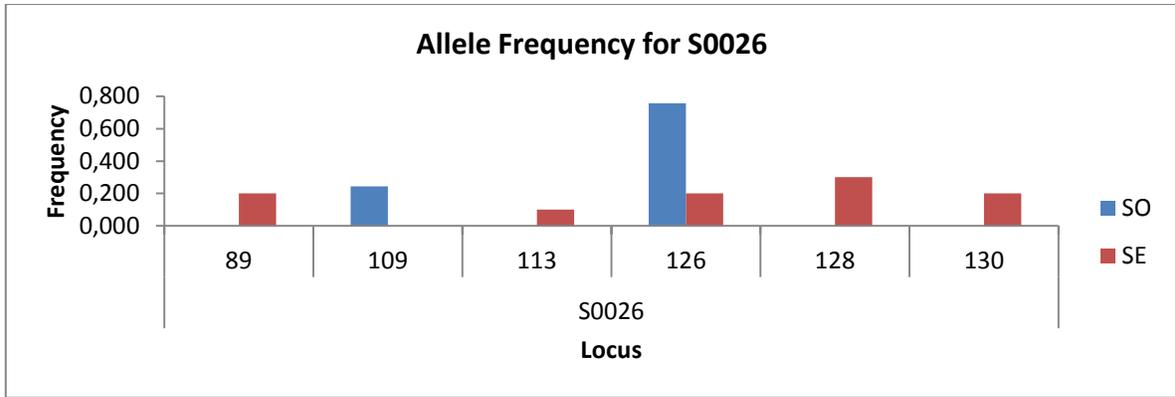
Figura IVf. Las flechas blancas muestran dormideros de cerdos asilvestrados en A: Río Bueno (verano 2010) y B: Lote 4 (otoño 2010)

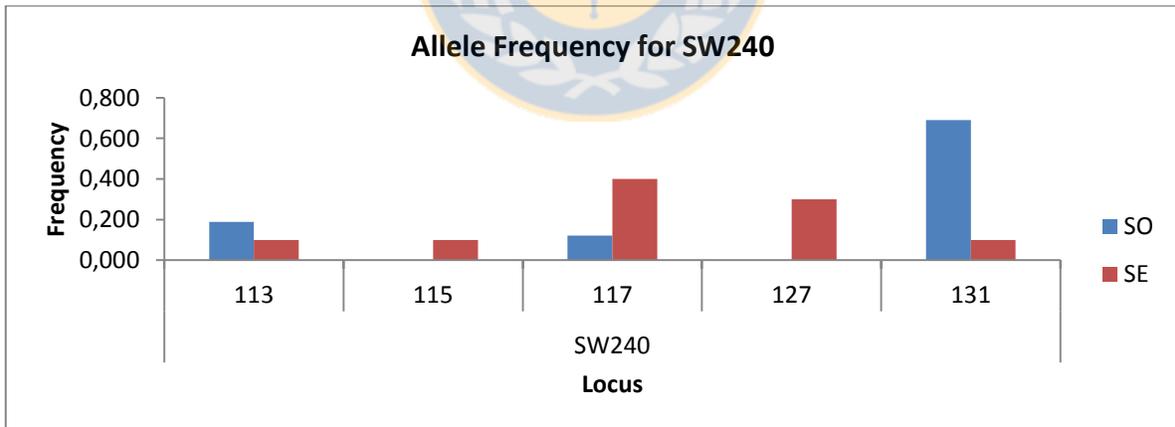
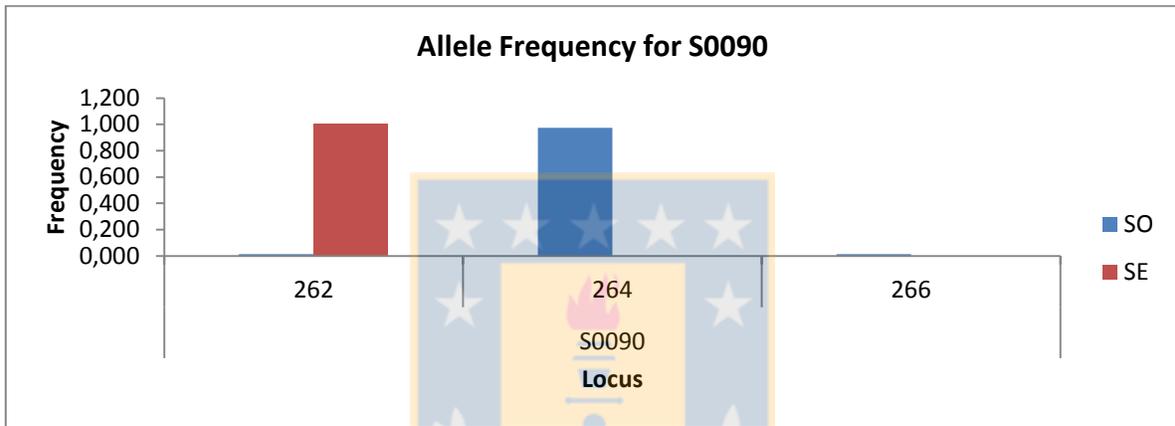
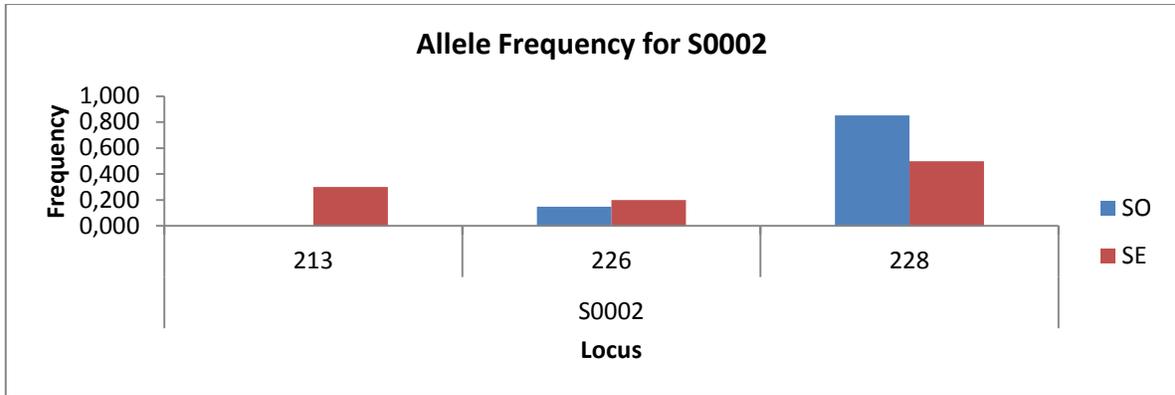


ANEXO V
Detalle de frecuencia alélica por locus según
distribución











ANEXO VI

Detalle de componentes de la dieta de *Sus scrofa* en
la zona de Timaukel

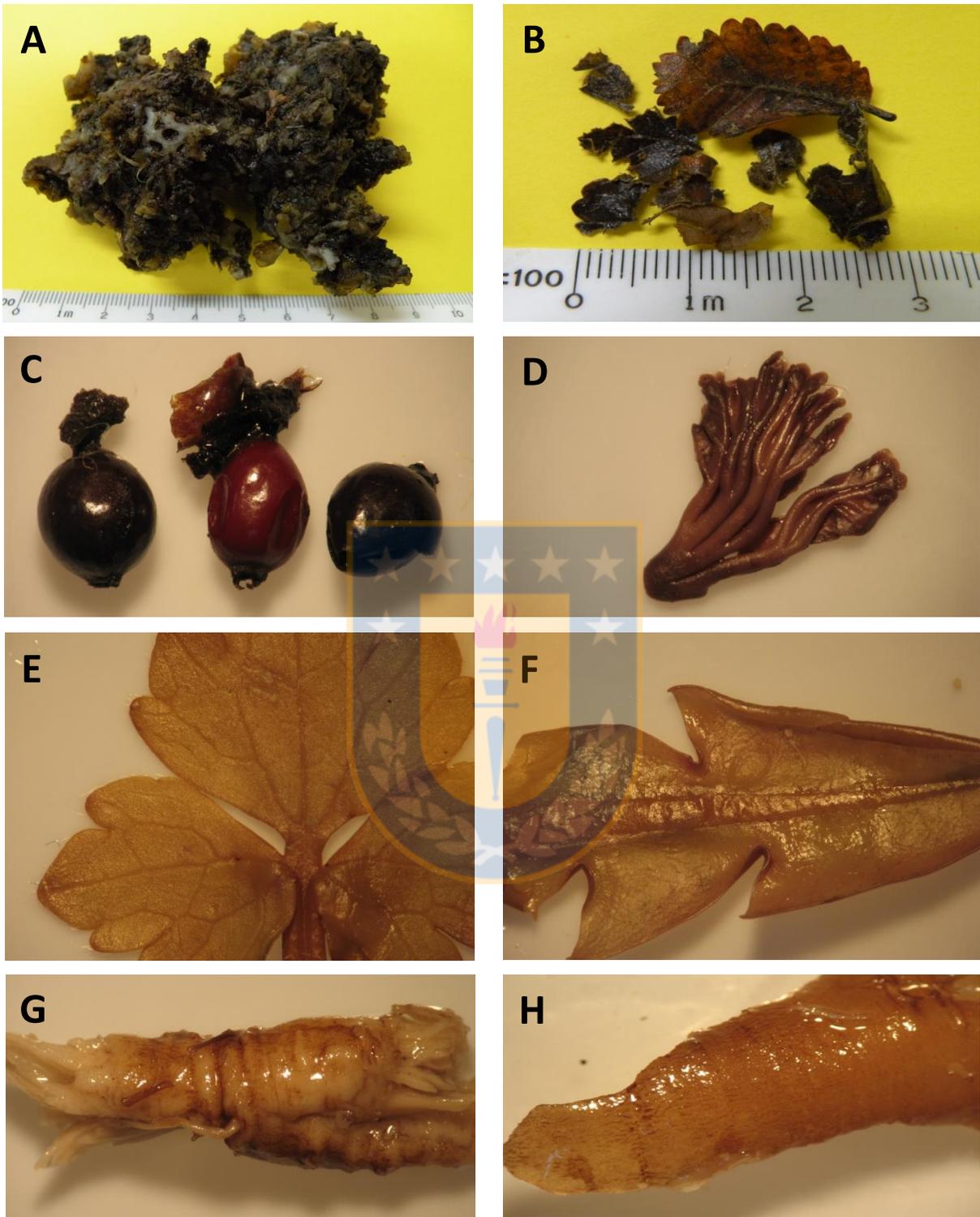


Figura VIa. Algunos componentes vegetales en la dieta de *Sus scrofa* en Timaukel. TDF Chile. A: *Cyttaria darwinii*; B: hojas de *Nothofagus antartica* y *N. pumilio*; C: frutos de *Ribes* sp.; D: hoja de *Ribes* sp.; E: hoja de *Ranunculus muriatus*; F: hoja de *Taraxacum* sp.; G: raíz de dicotiledónea *Ranunculus* sp. (dada la cantidad de brazos presentes en el xilema 10x); H: rizoma de dicotiledónea *Trifolium repens*

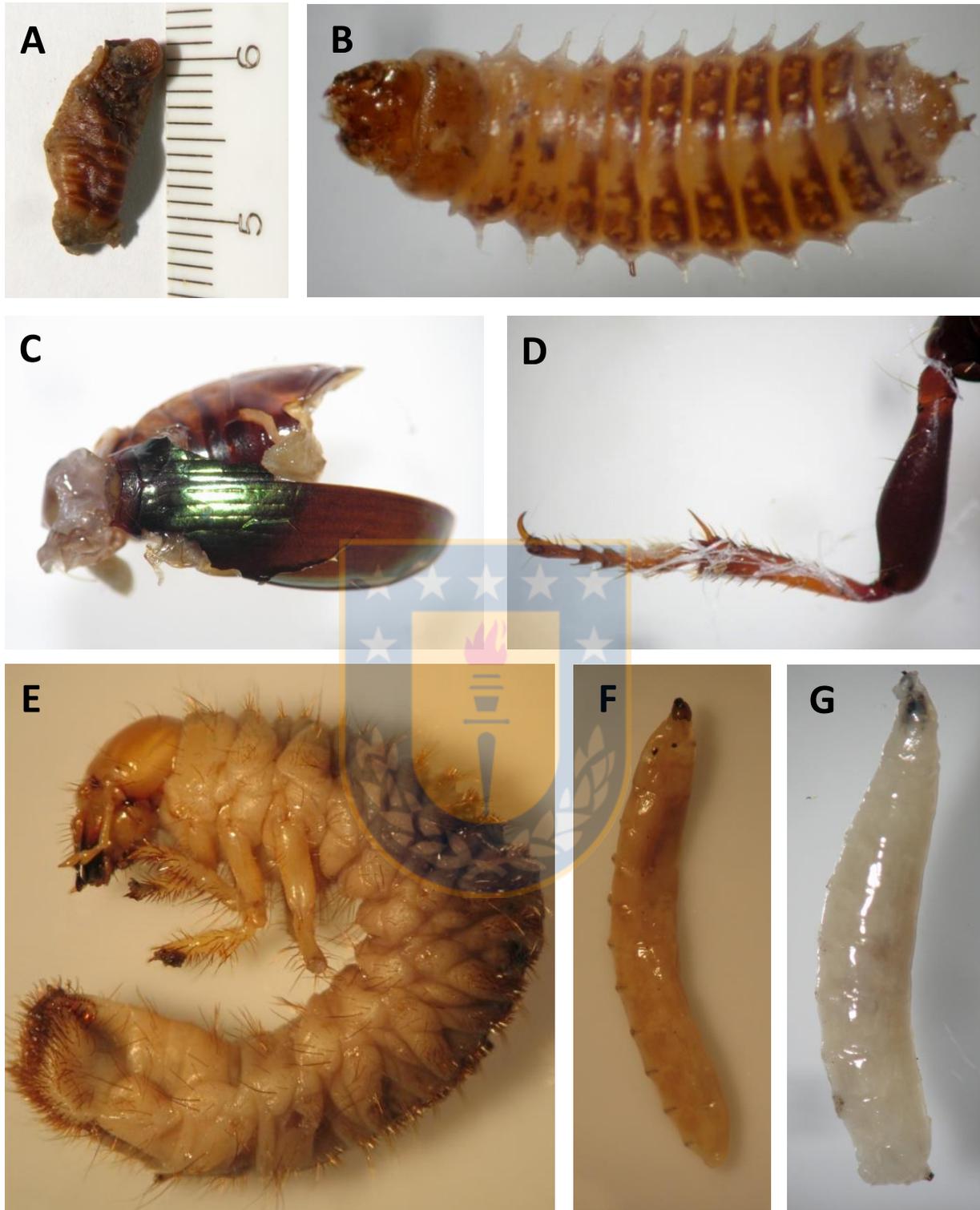


Figura VIb. Registro de invertebrados presentes en la dieta de *S. scrofa*, TDF. A: trozo de gusano de tierra (Annelida: Lumbricidae); B: Psychodidae en estado larvario (Diptera. Nematocera); C y D: partes de exoesqueleto de *Aulacopalpus pilicollis* (Scarabaeidae: Rutelinae); E: larva de *A. pilicollis*; F: larva de Diptera. Nematocera: Sciaridae (=Fungivoridae); y G: larva de *Ophyra* sp. (Diptera. Brachycera: Muscidae)

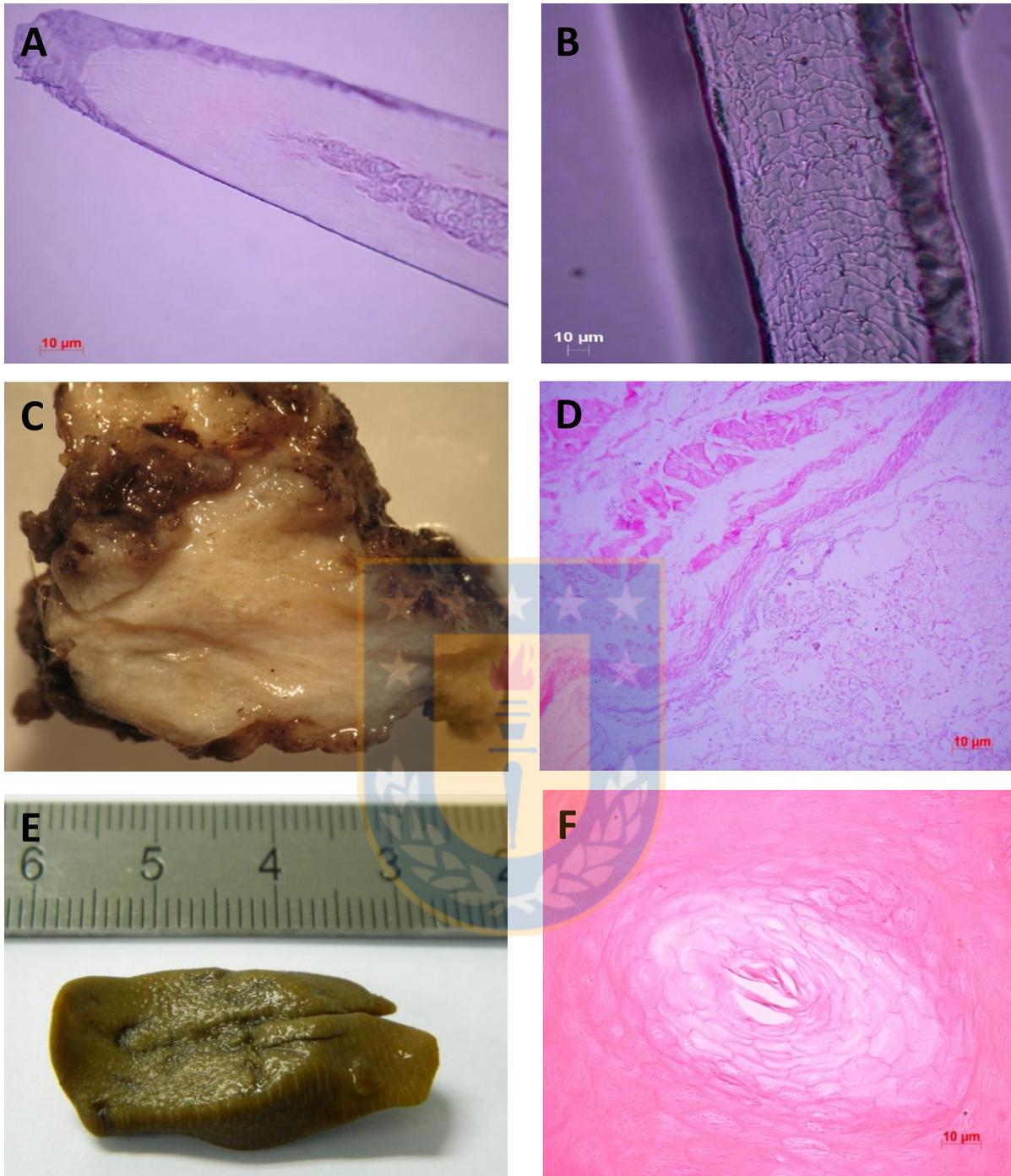
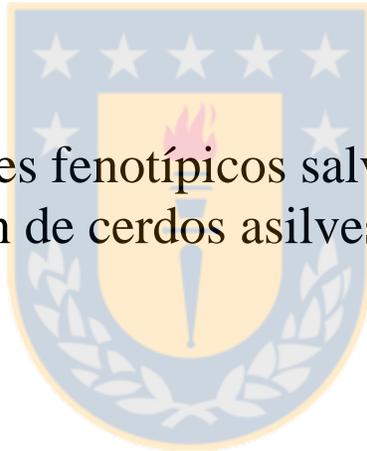


Figura VIc Restos de origen animal presentes en la dieta de *Sus scrofa* de Timaukel. A: corte transversal de un pelo teñido con hematoxilina y eosina, con médula reticulada esponjosa coincidente con *Lama guanicoe*; B: patrón de escamas cuticulares en mosaico denticulado, coincidente con *L. guanicoe* (Chéhebar y Martín, 1989); C: estructura blanda irregular compatible con tejido tendinoso; D: corte histológico de la estructura de la imagen C. Se observa tejido de organización irregular con colágeno; E: estructura sólida de forma irregular color marrón oscuro con delgadas líneas blanquecinas; F: corte histológico estructura de imagen E muestra estrato médium de suela de ungulado



ANEXO VII

Caracteres fenotípicos salvajes presentes en la población de cerdos asilvestrados de Timaukel



Figura VII Algunos caracteres ancestrales presentes en los cerdos asilvestrados de Timaukel. A: perfil cranela subcóncavo; B: pelo largo risado y C: revinx