

**UNIVERSIDAD DE CONCEPCIÓN  
FACULTAD DE CIENCIAS NATURALES Y OCEANOGRÁFICAS  
DEPARTAMENTO DE ZOOLOGÍA**



**FILOGEOGRAFÍA Y POSICIÓN FILOGENÉTICA DE *HIPPOCAMELUS BISULCUS*  
MOLINA, 1782 BASADO EN SECUENCIAS DE ADN MITOCONDRIAL**



**ALFONSO PABLO JARA-FLORES**

**Tesis presentada a la  
ESCUELA DE GRADUADOS  
DE LA UNIVERSIDAD DE CONCEPCIÓN  
Para optar al grado de  
MAGISTER EN CIENCIAS BIOLÓGICAS ÁREA DE ZOOLOGÍA  
Concepción, Chile**

**2007**

## Resumen

Con el fin de evaluar la posición filogenética del género *Hippocamelus*, dentro de la tribu Odocoileini, y analizar los patrones de variabilidad genética dentro de la especie *H. bisulcus*, se obtuvo secuencias mitocondriales para las regiones d-loop (Región de Control) y citocromo b. Para abordar la filogenia de los ciervos sudamericanos se obtuvo secuencias desde el NCBI (Genbank) para 31 especies, y se agregaron las secuencias obtenidas en esta tesis para las especies *H. bisulcus*, *H. antisensis* y *Pudu pudu*. A partir de análisis de Máxima Parsimonia, Máxima Verosimilitud y Análisis Bayesiano, se recuperaron árboles similares en su topología general independiente del método de inferencia filogenética. Los resultados muestran dos grandes clados, un primer clado compuesto por *Mazama americana*-*Odocoileus* y un segundo conformado por *P. pudu* + *Blastoceros*, *Ozotoceros*, *Mazama gouazoupira*, *Hippocamelus*. Basado en el análisis de Máxima Verosimilitud *P. pudu* es una especie basal en la topología del segundo clado, y por ende es la especie hermana de las demás que conforman este grupo. Todas las especies de ciervos americanos, son monofiléticas considerando las especies neárticas y neotropicales. Las topologías obtenidas sugieren una dispersión desde el norte, vía Istmo de Panamá, para colonizar y diversificarse en un sentido norte-sur. Con el fin de poner a prueba las hipótesis de diferenciación poblacional y la historia evolutiva de *H. bisulcus*, se secuenciaron 29 individuos de las mismas regiones usadas en el análisis filogenético previo y se analizó la variación para la caracterización de poblaciones, basado en índices diversidad genética y su estructura poblacional. Se detectó una variabilidad genética extremadamente baja comparada con otros cérvidos asociada a la región genómica analizada, incluso entre poblaciones geográficamente distantes. Fueron analizados individuos pertenecientes a 5 poblaciones distintas adscritas al rango de distribución latitudinal actual para la especie. Estas corresponden a Nevados

de Chillán (NCh, VIII Región), Tamango (TM, XI Región), La Baguala (LB, XI Región), Torres del Paine (TP, XII Región) y Península de Brunswick (PB, XII Región). De acuerdo a la reconstrucción filogenética intraespecífica, recuperada en los análisis del Vecino más Cercano (NJ=Neighbor-Joining), Máxima Parsimonia (MP), Máxima Verosimilitud (MV=Máxima Verosimilitud) e Inferencia Bayesiana, todas las poblaciones de Huemul aparecen como monofiléticas. Sin embargo, el patrón filogeográfico así determinado y los resultados basados en los análisis de AMOVA revelaron un importante quiebre entre la población de Nevados de Chillán (NCh), mostrada basalmente en las todas las topologías recuperadas y con respecto a las poblaciones del sur que se muestran recientemente derivadas. Para éstas últimas fue inferida una reciente expansión demográfica, mientras que NCh al parecer ha tenido una diferente historia relacionada con fluctuaciones en su tamaño poblacional. Estos resultados son discutidos en el marco del rol de las glaciaciones pleistocénicas, de efectos antrópicos recientes y sus alcances relacionados con la conservación de la especie.

