

Zusammenfassung von Tiefe genetische Strukturen in Bonobo-Populationen: Deep genetic substructure within bonobos

Sojung Han*, Cesare de Filippo*, Genís Parra, Juan Ramon Meneu, Romain Laurent, Peter Frandsen, Christina Hvilsom, Ilan Gronau, Tomas Marques-Bonet, Martin Kuhlwilm, Aida M Andrés

Current Biology, 2024. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cub.2024.09.043>

Die genetische und geographische Verteilung von Populationen ist fundamental wichtig, um die Evolutionsgeschichte von Arten zu verstehen, und auch um ihre Zukunft zu sichern. Dennoch ist die genetische Struktur der Populationen für die meisten bedrohten Arten unbekannt. Das ist auch der Fall für Bonobos (*Pan paniscus*), welche zusammen mit Schimpansen (*Pan troglodytes*) die nächsten lebenden Verwandten des Menschen sind. Bonobos sind eine faszinierende Art, sehr nah mit den Menschen verwandt und mit einzigartigem Sozialverhalten. Sie leben in sozialen Gruppen, die trotz mancher Konflikte außergewöhnlich friedlich und egalitär sind. Interessanterweise bleiben die Männchen in der sozialen Gruppe, in der sie geboren wurden, während Weibchen zu anderen Gruppen wandern – aber trotzdem bilden die Weibchen starke Bündnisse und können dominanter als Männchen sein.

Anders als Schimpansen, die in vier Unterarten über größere Regionen Afrikas verteilt leben, gibt es Bonobos nur in der Demokratischen Republik Kongo, mit Schätzungen von etwa 20.000 Individuen in der Wildnis. Bonobos wurden traditionell als sehr homogene Gruppe mit geringen genetischen Unterschieden angesehen, obwohl durch Untersuchungen an mitochondrialer DNA verschiedene Untergruppen vorgeschlagen wurden. Dennoch blieb ihre genetische Bevölkerungsstruktur bislang unbekannt, was unser Verständnis dieser besonderen Art erschwerte.

Die genetische Diversität von Bonobos räumlich zu verstehen ist schwierig, weil DNA von in der Wildnis lebenden Individuen dieser bedrohten Art nur ohne direkte Eingriffe gewonnen werden kann. Wir haben die Exome und mitochondriale DNA von 20 in der Wildnis geborenen Bonobos untersucht, zusammen mit 10 ganzen Genomen von Bonobos aus Wildreservaten, sowie weiteren mitochondrialen Genomen wilder Individuen. Diese Genomdaten zeigen, daß es drei genetisch unterschiedliche Bonobo-Gruppen gibt, und mithilfe von mitochondrialer

DNA konnten wir die geographische Herkunft einkreisen, die jeweils im Zentrum, im Westen und im Fernen Westen ihres Lebensraums liegt. Die zentralen und westlichen Bonobos haben sich unseren Modellen zufolge vor bis zu 145.000 Jahren voneinander getrennt, was zu genetischen Unterschieden dieser Gruppen führt, die ein ähnliches Ausmaß haben wie die Unterschiede zwischen nahverwandten Schimpansen-Unterarten (Zentrale und Östliche Schimpansen). Die westlichen und fern-westlichen Bonobos haben sich vor nur etwa 60.000 Jahren getrennt. Außerdem sehen wir, daß die effektiven Langzeit-Populationsgrößen (N_e) für diese Gruppen recht klein sind: ca. 7.000 für zentrale, ca. 4.500 für westliche und nur ca. 3.000 für fern-westliche Bonobos, wodurch sie zu den Menschenaffen mit den geringsten effektiven Populationsgrößen gehören. Noch dazu gibt es in fern-westlichen Bonobos auch mehr Inzucht und genetische Abgeschiedenheit als in den anderen beiden Gruppen.

Unsere Ergebnisse unterstreichen die Notwendigkeit, daß genetische Unterstrukturen bei Bonobos beachtet werden sollten, sowohl in der Forschung und auch in der Arterhaltung. Und es zeigt, daß Bonobos als geographisch und genetisch so zersplitterte Art noch gefährdeter sind als bislang angenommen.