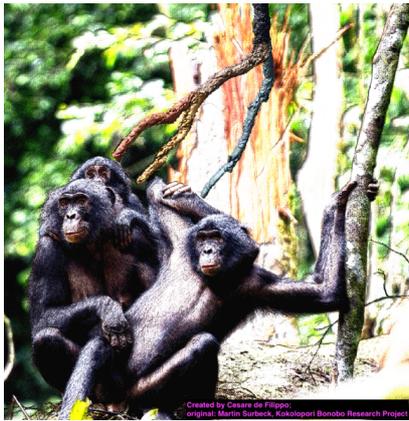


Structure génétique de populations chez les bonobos: *Deep genetic substructure within bonobos*

Sojung Han*, Cesare de Filippo*, Genis 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>



Created by Cesare de Filippo, original Martin Surbeck, Kokoopori Bonobo Research Project

Établir la structure génétique et géographique des populations est essentiel à la fois pour comprendre leur passé évolutif et pour préserver leur avenir. Cependant, nous ne connaissons pas la structure des populations de la plupart des espèces menacées.

C'est le cas des bonobos (*Pan paniscus*), qui avec les chimpanzés (*Pan troglodytes*) sont l'espèce vivante la plus proche de l'homme. Les bonobos sont une espèce fascinante, dotée de comportements sociaux uniques. Ils vivent au sein de groupes sociaux cohésifs qui, même s'ils ne sont pas exempts de conflits, sont remarquablement pacifiques et égalitaires. Il est intéressant de noter que les mâles restent dans leur groupe natal, tandis que les femelles migrent entre les groupes lorsqu'elles atteignent la maturité. Néanmoins, ce sont les

femelles qui forment les alliances les plus étroites et peuvent avoir une hiérarchie plus prononcée dans le groupe que les mâles.

Contrairement aux chimpanzés, qui vivent dans toute l'Afrique équatoriale et sont classés en quatre sous-espèces, les bonobos vivent exclusivement en République démocratique du Congo, avec environ 20 000 individus sauvages. Les bonobos sont traditionnellement considérés comme un groupe homogène avec une faible diversité génétique, bien que l'ADN mitochondrial suggère la présence d'une structure de populations.

Étudier la diversité génétique des bonobos est extrêmement difficile : étant en danger d'extinction, l'ADN ne peut être obtenu directement à partir d'individus sauvages. Dans cet article, nous analysons les exomes et l'ADN mitochondrial de 20 bonobos, les génomes complets de 10 bonobos dans des sanctuaires et l'ADN mitochondrial d'individus en liberté, pour étudier la structure de l'espèce. Les données génomiques révèlent la présence de trois groupes génétiquement distincts de bonobos dont, informés par l'ADN mitochondrial, nous déduisons qu'ils sont d'une origine géographique centrale, occidentale et extrême-occidentale dans l'aire de répartition de l'espèce. Nous estimons que le temps de divergence entre la population centrale et la population occidentale est d'environ 145 000 ans, avec une différenciation génétique similaire à celle entre les sous-espèces de chimpanzés les plus proches (centrale et orientale). D'un autre côté, nous déduisons que les populations occidentales et extrême-occidentales ont divergé il y a environ 60 000 ans. La taille effective estimée de la population (N_e) est très petite : $\sim 7\,000$ pour le Centre, $\sim 4\,500$ pour l'Ouest et seulement $\sim 3\,000$ pour l'Extrême-Ouest, ce qui la place parmi les plus petites tailles de population efficaces estimées chez les grands singes. La population dans l'extrême-occident présente également des niveaux de consanguinité et d'isolement génétique plus élevés que les deux autres populations.

Ces résultats mettent en évidence la nécessité de prendre en compte la structure génétique des populations de bonobos, tant pour leur étude que pour les travaux de conservation. Avec une population très structurée, les bonobos sont probablement encore plus vulnérables qu'on ne le pensait.

Commented [MR1]: I rearranged this, because there was no question in the lead-up to "this is a difficult question".

Commented [MR2]: Even more?