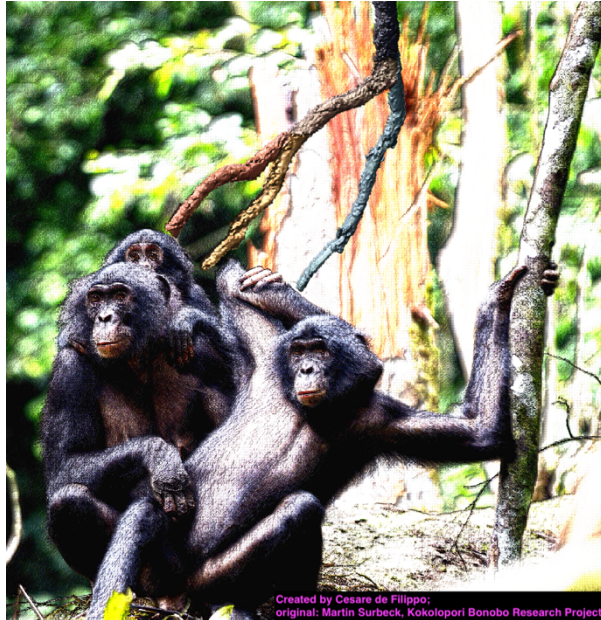


## Resumen de *Estructura poblacional en bonobos: Deep genetic substructure within bonobos*

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>



Establecer la estructura genética y geográfica de las poblaciones es fundamental tanto para entender su pasado evolutivo como para preservar su futuro. Sin embargo, desconocemos los patrones de estructura poblacional para la mayoría de las especies en peligro de extinción.

Este es el caso de los bonobos (*Pan paniscus*), que con los chimpancés (*Pan troglodytes*) son las especies vivas más cercanas a los humanos. Los bonobos son una especie fascinante, con patrones de comportamiento social únicos. Viven en grupos sociales cohesivos que, a pesar de no estar exentos de conflictos, son notablemente pacíficos e igualitarios. Curiosamente, los machos permanecen en su grupo natal, mientras que las hembras migran entre grupos al alcanzar la madurez. Aun así, son las hembras las que forman las alianzas más cercanas, y pueden tener más alta jerarquía en el grupo que los machos.

A diferencia de los chimpancés, que viven en toda África ecuatorial y se clasifican en cuatro subespecies, los bonobos viven exclusivamente en la República Democrática del Congo, con alrededor de 20,000 individuos en libertad. Los bonobos han sido tradicionalmente considerados un grupo homogéneo con baja diversidad genética, a pesar de que el ADN mitocondrial ha sugerido la presencia de estructura poblacional. Esta es una pregunta difícil de contestar porque estudiar la diversidad genética de los bonobos es extremadamente difícil: al estar en peligro de extinción, no se puede conseguir DNA directamente de individuos en libertad.

En este artículo analizamos los exomas y el ADN mitocondrial de 20 bonobos nacidos en libertad, los genomas completos de 10 bonobos en santuarios y el mtDNA de individuos en libertad, para estudiar su estructura. Los datos genómicos revelan la presencia de tres grupos de bonobos genéticamente distintos que, informados por el ADN mitocondrial, inferimos son de origen geográfico Central (*Central*), occidental (*Western*) y del extremo occidental (*Far-Western*). Estimamos que el tiempo de divergencia entre las poblaciones central y occidental fue hace aproximadamente 145,000 años, con una diferenciación genética similar a la de las dos subespecies de chimpancés más cercanas (*Central* y *Eastern*). Por otro lado, inferimos que las poblaciones *Western* y *Far-Western* divergieron hace aproximadamente 60,000 años. El tamaño efectivo poblacional ( $N_e$ ) estimado para las poblaciones es muy pequeño:  $\sim 7,000$  para *Central*,  $\sim 4,500$  para *Western* y sólo  $\sim 3,000$  para *Far-Western*, situándolo entre los tamaños efectivos poblacionales más pequeños estimados para los grandes simios. *Far-Western* también presenta niveles más altos de endogamia y aislamiento genético que las otras dos poblaciones.

Estos resultados destacan la necesidad de tener en cuenta la estructura poblacional de los bonobos, tanto para su estudio como para trabajo de conservación. Con una población altamente estructurada, los bonobos son probablemente más vulnerables de lo que creíamos hasta ahora.