Annu. Rev. Anthropol. 2024. 53:X-X

Publicado por primera vez como revisión anticipada el 30 de julio de 2024

https://doi.org/10.1146/annurev-anthro-041422-114003

Derechos de autor © 2024 por el autor o autores. Esta obra está sujeta a una licencia internacional Creative Commons Attribution 4.0, que permite su uso, distribución y reproducción sin restricciones en cualquier medio, siempre que se cite al autor original y la fuente. Consulte las referencias bibliográficas de las imágenes u otro material de terceros en este artículo para obtener información sobre la licencia.

Oklander • Soto-Calderón

www.annualreviews.org • Genética de la conservación de primates

Aplicaciones de la genética de primates a la conservación y la gestión

Luciana Inés Oklander1,2,3 e Iván Darío Soto-Calderón3,4

1Grupo de Investigación en Genética Aplicada e Instituto de Biología Subtropical, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Posadas, Misiones, Argentina; correo electrónico: lulaok@gmail.com

2Conservación de Primates Neotropicales Argentina, Misiones, Argentina

3Grupo de Especialistas en Primates, Comisión de Supervivencia de Especies, Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (UICN), Gland, Suiza.

4Laboratorio de Genética Animal, Grupo de Agrociencias, Biodiversidad y Territorio, Instituto de Biología, Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia, Colombia.

Palabras clave

primates no humanos, variación genética, estado de conservación, análisis forenses, gestión *in situ* y *ex situ*

Resumen

La genética de la conservación es el uso de la genética para comprender y mitigar las amenazas causadas por actividades antropogénicas, como la pérdida y fragmentación de hábitats, el tráfico de fauna salvaje y las enfermedades emergentes. En esta revisión, analizamos el papel de la genética de la conservación de los primates en el desarrollo de estrategias de conservación eficaces, haciendo hincapié en la importancia de mantener la diversidad genética para mejorar el potencial adaptativo y evitar la extinción. En primer lugar, presentamos estudios sobre varias especies de primates que ejemplifican de qué manera los datos genéticos han sido fundamentales para evaluar con precisión los niveles de amenaza, identificar animales objeto de tráfico y rastrear su origen geográfico, y estudiar cómo afecta la pérdida de hábitat a las poblaciones de primates. A continuación, describimos las diversas herramientas moleculares y enfoques analíticos empleados en estos estudios. Por último, ofrecemos una revisión bibliográfica de la investigación en genética de la conservación en los últimos 20 años. Concluimos con un breve debate sobre las limitaciones y los desafíos en este ámbito en los países en desarrollo y recomendaciones para futuras investigaciones.

1. INTRODUCCIÓN

Los primates se enfrentan a un creciente riesgo de extinción debido a numerosas actividades antropogénicas que afectan a sus poblaciones y hábitats en forma directa (por ejemplo, el comercio de mascotas) o indirecta (por ejemplo, la deforestación y la fragmentación) y, como tales, son motivo de gran preocupación para su conservación [(Estrada et al. 2017](#bib49)). A su vez, estas actividades influyen en la demografía y la diversidad genética de las poblaciones de primates, limitando así la viabilidad de las especies y los ecosistemas y dando lugar a la llamada sexta extinción [(Ceballos et al. 2015](#bib27)). El primero de los cuatro objetivos de desarrollo sostenible a largo plazo formulados por el Marco Mundial para la Biodiversidad de Kunming-Montreal ([Conv. Biol. Diver. 2022](#bib36)) afirma que “la diversidad genética dentro de las poblaciones de especies salvajes y domesticadas se mantiene salvaguardando su potencial adaptativo”, destacando la importancia de la diversidad genética para garantizar el potencial evolutivo de las poblaciones y las especies, así como su capacidad para hacer frente a los desafíos medioambientales.

La genética de la conservación, aunque bastante infrautilizada, es una disciplina con casi medio siglo de historia [(Frankham 2019](#bib55)) que tiene como objetivo preservar la diversidad genética de poblaciones y especies. Por ello, esta disciplina ha adquirido un gran valor a la hora de abordar los problemas de conservación de los primates, tanto a nivel de población como de especie. Muchos factores, como la degradación y fragmentación del hábitat, actúan de forma sinérgica para amenazar a los primates, provocando una disminución de la disponibilidad de recursos, restringiendo la dispersión y aumentando la exposición a patógenos procedentes de animales domésticos. Estas consecuencias, a su vez, resultan en una reducción del tamaño efectivo de la población (*N*e), una disminución de la variabilidad genética de las poblaciones, un aumento de la endogamia, una capacidad de adaptación limitada y, en última instancia, tasas de mortalidad más elevadas. Por último, este círculo vicioso provoca la extinción local, que probablemente tenga lugar en varios puntos del área de distribución de una especie.

**Tamaño efectivo de la población (*N*e)**: número de individuos que efectivamente se reproducen y contribuyen con descendencia a la siguiente generación; generalmente menor que el tamaño del censo

La genética también es una herramienta valiosa para abordar problemas de taxonomía y sistemática de los primates, concretamente en los casos en que los rasgos morfológicos o cromosómicos son ambiguos. Además, a escala poblacional, los datos genéticos concretos y cuantificables pueden proporcionar rápidamente información sobre los procesos históricos y contemporáneos que dan forma a la estructura de la población y pueden ayudarnos a comprender los desafíos adaptativos actuales y futuros [(Zhou et al. 2016](#bib166), [Teixeira & Huber 2021](#bib151)). Por lo tanto, los análisis genéticos pueden ser un enfoque eficaz para establecer y aplicar una gestión y una legislación adecuadas para conservar mejor las especies y poblaciones de primates. En este artículo, resumimos la investigación en esta disciplina aplicada a los primates en tres secciones principales: los propósitos de la genética de la conservación, su análisis y lo que se ha logrado hasta ahora. Concluimos con un breve debate.

2. ¿PARA QUÉ SIRVE LA GENÉTICA DE CONSERVACIÓN DE LOS PRIMATES?

2.1. Sistemática y taxonomía

En las últimas décadas, la filogenética molecular y la filogeografía han sido tremendamente útiles para dilucidar la colonización, los procesos de diversificación y los patrones actuales de distribución geográfica de diversos taxones de primates a nivel de familia, género y especie, con importantes ramificaciones para la taxonomía y la sistemática. Comprender mejor los procesos históricos subyacentes que conforman los patrones actuales de distribución geográfica de las especies y taxones de primates es relevante para la conservación, ya que los cambios en la distribución geográfica de los principales grupos taxonómicos y especies afectan a las estimaciones de diversidad filogenética (el número de taxones de una región determinada) y ayudan a definir las áreas críticas para la conservación.

**Filogeografía**: disciplina integradora que investiga las relaciones entre genotipos individuales dentro de una especie o un grupo de especies estrechamente emparentadas, correlacionando dichas relaciones con su distribución espacial.

El género *Saguinus*, por ejemplo, está ampliamente distribuido en el norte de Sudamérica y Panamá, pero una reciente filogenia molecular condujo a su redefinición como cuatro géneros monofiléticos: *Saguinus*, *Leontocebus, Tamarinus* y *Oedipomidas* [(Carvalho Brcko et al. 2022](#bib25), [Lopes et al. 2023](#bib96)). Mientras que *Oedipomidas* se da exclusivamente al oeste de la cordillera de los Andes *(transandino*) en Colombia y Panamá, *Saguinus, Leontocebus* y *Tamarinus* son *cisandinos*. Al igual que *Saguinus*, el género *Callicebus* se dividió en tres (*Callicebus*, *Plecturocebus* y *Cheracebus*) sobre la base de la profunda divergencia filogenómica que se originó en el Mioceno [(Byrne et al. 2016](#bib22)). Todos estos cambios taxonómicos implican reducciones en las áreas de distribución geográfica de los géneros objetivo, lo que intensifica la necesidad de iniciativas de conservación en zonas más amplias para preservarlos. En el caso de los tamarinos, estas iniciativas implican la conservación tanto en regiones *cis* como *transandinas* para preservar los cuatro géneros.

Las filogenias moleculares también se han utilizado para probar el principio de monofilia, según el cual se espera que todos los miembros de una misma especie correspondan a un clado bien diferenciado que comparta un antepasado común en una filogenia de referencia. En algunos casos en los que los límites entre especies violan este principio, se ha justificado la redefinición de una especie, pero resulta controvertido que las especies no monofiléticas deban aceptarse como taxones válidos (para más detalles, véase [Gutiérrez & Garbino 2018](#bib72), [Zachos 2018](#bib165), [Gippoliti 2019](#bib63)). Tal es el caso de cinco subespecies de *Cebus albifrons* en sentido amplio (i.e., *C. albifrons*, *C. cesarae*, *C. malitiosus*, *C. unicolor*, *C. versicolor*) que no comparten un ancestro común según los análisis filogenéticos de linajes mitocondriales y, por tanto, fueron elevadas a nivel de especie [(Boubli et al. 2012](#bib19), [Lima et al. 2017](#bib94), [Ruiz-García et al. 2019](#bib134)). No obstante, el estatus taxonómico de algunas otras subespecies de *C. albifrons* sigue siendo objeto de discusión o está supeditado a futuras pruebas genéticas. Los métodos filogenéticos tradicionales asumen que los procesos de diversificación son dicotómicos y que no se produce intercambio genético entre taxones genéticamente diferenciados. Sin embargo, en los primates se han descrito muchos casos de aislamiento reproductivo incompleto entre especies, lo que ha dado lugar a numerosos casos de introgresión genética. Por ello, las historias evolutivas de las especies híbridas son especialmente complejas.

**Monofilia**: clado en una filogenia que incluye a todos los descendientes de un ancestro común; puede aplicarse al nivel de especie o a niveles jerárquicos superiores.

**Introgresión genética:** integración de genes de una especie en el acervo genético de otra debido a la hibridación.

La clasificación incompleta de linajes (ILS por sus siglas en inglés) es otro factor que complica las reconstrucciones filogenéticas y es frecuente en casos de especiación reciente en los que la diferenciación genética de dos especies dadas es incompleta. Sin embargo, los recientes avances en la secuenciación genómica y los métodos filogenéticos han sido útiles para superar los desafíos que plantean la introgresión genética y la ILS para la comprensión de los procesos evolutivos. Además, el uso de métodos forenses eficientes, tecnologías de secuenciación avanzadas y enfoques filogenéticos rigurosos basados en la coalescencia han creado nuevas oportunidades en la genética de la conservación para generar secuencias de ADN de alta calidad a partir de muestras degradadas y especímenes conservados en museos, así como para reconocer linajes y especies bien diferenciados [(Leaché et al. 2014](#bib93), [Barido-Sottani et al. 2018](#bib13)).

**Clasificación incompleta de linajes**: polimorfismos genéticos ancestrales compartidos por taxones estrechamente emparentados, principalmente durante eventos de especiación rápida, que hacen que la filogenia de las especies difiera de los árboles de genes.

**Enfoques filogenéticos basados en la coalescencia**: métodos genealógicos destinados a rastrear las copias de genes desde la descendencia hasta el ancestro común en una población o grupo de taxones.

Las grandes distancias genéticas mitocondriales entre los orangutanes de Sumatra *(Pongo abelii*) y de Borneo *(Pongo pygmaeus*) se utilizaron inicialmente como prueba para justificar su designación como dos taxones separados [(Xu & Arnason 1996](#bib163)). Posteriormente, los análisis de secuencias genómicas completas —en parte provenientes de pieles exhibidas en museos— develaron profundas diferencias genéticas entre dos grupos de orangutanes de Sumatra, incluido uno más estrechamente emparentado con el orangután de Borneo [(Nater et al. 2017](#bib112)). Estos hallazgos condujeron al reconocimiento de otra especie de orangután de Sumatra *(Pongo tupanuliensis*) que actualmente se considera en peligro crítico [(Nowak et al. 2023](#bib113)). En Platyrrhini, casos similares de especies recientemente descritas mediante el uso combinado de datos genómicos, morfológicos y geográficos son los titíes *Mico schneideri* y *Mico munduruku* [(Costa-Araújo et al. 2019](#bib37), [2021](#bib38)), los uakaris *Cacajao ayresi* y *Cacajao hosomi* [(Boubli](#bib18)et al. 2008), el mono titi *Plecturocebus grovesi* [(Boubli et al. 2019](#bib17)), los muriquis *Brachyteles hypoxanthus* y *Brachyteles arachnoides* [(Chaves et al. 2019](#bib31)) y el tamarino *Tamarinus kulina* [(Lopes et al. 2023](#bib96)).

2.2. Evaluación del estado de conservación

Los primates constituyen un grupo de gran interés para la conservación. Según el Grupo de Especialistas en Primates de la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (UICN), más del 62% de las 539 especies reconocidas actualmente están incluidas en alguna de las categorías amenazadas de la Lista Roja de la UICN, y el 16% se consideran en peligro crítico. Mantener la diversidad genética de una especie es esencial para que ésta pueda responder a futuros desafíos medioambientales. La desaparición de poblaciones locales puede conducir rápidamente a extinciones regionales más extendidas si las poblaciones están separadas por distancias lo suficientemente grandes como para impedir la recolonización de hábitats vacíos o si existen barreras físicas o antropogénicas que reduzcan tanto el desplazamiento como la supervivencia de los individuos en dispersión [(Allendorf et al. 2010](#bib2)).

Los parámetros genéticos pueden utilizarse para respaldar las recomendaciones relativas a las clasificaciones internacionales de conservación. Se ha explorado la estructura genética de muchos grupos de primates; sin embargo, estos datos rara vez se han utilizado en el desarrollo de planes de gestión y preservación o en políticas públicas [(Blair et al. 2013](#bib15); [Moraes et al. 2017](#bib104); [Frandsen et al. 2020](#bib54); [Oklander et al. 2020](#bib116), [2022](#bib115)). Por ejemplo, a pesar de la importancia reconocida de la diversidad genética como uno de los tres componentes básicos de la biodiversidad [(Hoban et al. 2020](#bib75)), aún no se la considera un criterio para evaluar el estado de conservación en la Lista Roja de la UICN. Los cinco criterios reales diferentes (A-E) que se utilizan para determinar si un taxón pertenece a una Lista Roja de la UICN estiman el tamaño de la población *(N*) o el declive de la población principalmente por la extensión del área de distribución de la especie y el número de individuos maduros (UICN 2012). Sin embargo, *N*e puede diferir de *N* como resultado de variables como la proporción sexual, los patrones de apareamiento y el tiempo generacional, entre otros ([Frankham et al. 2014](#bib56)). Hasta la fecha, los datos genéticos sólo se han tenido en cuenta en contadas ocasiones en un criterio (E) que implica análisis cuantitativos.

Los estudios genéticos permiten comprender mejor los procesos históricos y contemporáneos que conforman la estructura de las poblaciones. Además, datos genéticos concretos y mensurables pueden ser herramientas muy eficaces para instituir y aplicar una legislación adecuada que disminuya la pérdida de biodiversidad. Recopilar y publicar datos demográficos y ambientales antes de emprender acciones de gestión puede ser un proceso largo; en cambio, las herramientas genéticas ofrecen una alternativa más rápida para generar información sobre poblaciones y especies con el fin de diseñar acciones de conservación. También es importante reconocer que en los países que son hábitat siguen siendo relativamente escasos los laboratorios equipados y disponibles para realizar análisis genéticos de la fauna salvaje, y que los costos de mantenimiento de estos laboratorios y de realización de dichos análisis son elevados. Por estas razones, los análisis se realizan a menudo en países que no son hábitat, a veces por investigadores extranjeros o de países hábitat que, al estar en el extranjero, tienen acceso a recursos internacionales que no estarían disponibles para los investigadores de las universidades de los países hábitat de los primates. En general, los datos genéticos siguen estando poco representados en los planes de gestión y conservación.

Los datos genéticos pueden ser útiles para categorizar el grado de amenaza de una especie según la UICN, ya que esta categorización suele ser una de las pocas herramientas que utilizan habitualmente los gobiernos y los responsables de la toma de decisiones a la hora de poner en marcha programas de gestión y conservación. [Willoughby et al. (2015)](#bib161) analizaron la relación entre la diversidad genética y el estado de conservación de la UICN en todos los vertebrados y propusieron incorporar la estimación de la pérdida esperada de diversidad genética como otro criterio para identificar las especies con necesidades de conservación. Constataron que los criterios actuales de la UICN no permitían identificar las poblaciones con escasa diversidad genética y propusieron estimar y utilizar el número de generaciones (t) que harían falta para que la variabilidad genética actual de una población disminuyera por debajo de un determinado umbral (sobre la base de su variabilidad genética actual) como criterio adicional en la evaluación del grado de conservación de un taxón. Posteriormente, [Oklander et al. (2021)](#bib120) revisaron los estudios publicados que recogían datos de repeticiones cortas en tándem (STR, por sus siglas en inglés) para primates neotropicales y utilizaron los métodos empleados por [Willoughby et al. (2015)](#bib161) para analizar la relación entre la pérdida estimada de diversidad genética y el estado de conservación de la Lista Roja de la UICN. Sus resultados indican que varias especies y subespecies podrían estar más amenazadas de lo que sugiere su clasificación actual en la Lista Roja, una tendencia que podría darse también en otras regiones. También descubrieron que muchas publicaciones que contenían datos genéticos aplicados a estudios de parentesco o elección de pareja, por ejemplo, no presentaban los parámetros básicos de heterocigosidad o *N*e de las poblaciones estudiadas que pudieran estimarse con la misma base de datos. Por estas razones, alentamos a los investigadores a publicar, cuando esté disponible, la heterocigosidad observada, *N*e y *N* en estudios genéticos de poblaciones de primates salvajes, especialmente para las familias menos estudiadas, para proporcionar una categorización más precisa del estado de conservación y el nivel de amenaza de estas especies.

**Repeticiones cortas en tándem (STR)**: repeticiones en tándem de secuencias cortas (2-6 pb) de ADN genómico dispersas por todo el genoma y altamente polimórficas en número de repeticiones; también conocidas como microsatélites.

2.3. Análisis forenses, identificación de especies e inferencia de orígenes geográficos

Las técnicas moleculares pueden aplicarse a investigaciones de delitos como el tráfico o la caza ilegal de primates, la detección de puntos clave de extracción ilegal de animales y la identificación de individuos o muestras de especies.

2.3.1. Identificación molecular de especies de primates.

Un análisis de 20 años de fauna silvestre comercializada legalmente a nivel internacional (1997-2016) reveló que los primates eran la segunda fuente de mercancías más comercializada (22%); el comercio internacional de primates para “exhibición” representó 3.000 millones de dólares estadounidenses [(Andersson et al. 2021](#bib6)). Estos datos sobre el comercio legal ayudan a comprender cómo el comercio ilegal de especies silvestres puede ser un negocio muy lucrativo, que contraviene las leyes y los tratados nacionales e internacionales ([Zimmerman 2003](#bib168)).

La identificación molecular de especies es especialmente útil en el ámbito policial para determinar especies a partir de derivados animales, como pelo, muestras fecales, pieles provenientes de museos, carne de animales silvestres o artículos procesados [(Guschanski et al. 2013](#bib70), [Rashid et al. 2015](#bib128), [Smart et al. 2021](#bib138)). También puede utilizarse para identificar especies cuando la fiabilidad de los rasgos morfológicos es dudosa [(Maldonado et al. 2023](#bib97)). Se destaca la importancia de utilizar herramientas moleculares para identificar correctamente las especies de primates con las que se comercia intensamente, tanto con fines médicos como de carne de animales silvestres, [Rönn et al. (2009)](#bib130) desarrollaron un sistema de *microarrays* que permitió la identificación de 45 de los 65 géneros de primates reconocidos en el momento del estudio.

La idea de utilizar una secuencia de ADN como código de barras molecular para reconocer especies resulta atractiva por su simplicidad conceptual y su aplicación en ciencias forenses (Hebert et al. 2003, [Chapple & Ritchie 2013](#bib30)). El código de barras de ADN se basa en el principio de que se puede utilizar un par de cebadores universales (que reconocen y amplifican secuencias homólogas en múltiples especies) tras un proceso de validación para obtener una secuencia de nucleótidos de entre 650 y 750 bases de la subunidad I de la citocromo *c* oxidasa mitocondrial (CO-I) y luego encontrar posibles coincidencias en bases de datos de referencia como GenBank (véase https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi) y la base de datos Barcode of Life (BOLD; véase <https://www.boldsystems.org/index.php>) [(Hajibabaei et al. 2006](#bib73), [Ratnasingham & Hebert 2007](#bib129), [Chac & Thinh 2023](#bib28)). BOLD incluye 51.015 registros de primates, que representan 327 especies. [Minhós et al. (2013)](#bib102), quienes estudiaron las especies de primates comercializadas en dos mercados urbanos de Guinea-Bissau mediante códigos de barras de ADN, distinguieron entre especies con un tamaño corporal similar y demostraron que el sesgo de identificación errónea puede dar lugar a políticas de conservación inadecuadas al pasar por alto algunas de las especies más afectadas. Más recientemente, [Gaubert et al. (2015)](#bib59) desarrollaron un enfoque multilocus amplificando fragmentos de cuatro genes mitocondriales (citocromo *b*, CO-I, y subunidades ribosómicas 12S y 16S) para establecer un marco para la tipificación del ADN de la carne de animales silvestres africanos. Proporcionaron un protocolo de amplificación y un proceso de decisión para la tipificación del ADN a través de la base de datos DNAbushmeat (véase http://mbb.univ-montp2.fr/MBB/DNAbushmeat), que permite la identificación taxonómica automatizada de productos cárnicos de animales silvestres de los bosques africanos mediante la base de datos GenBank. Con estos métodos, [Dipita et al. (2022)](#bib47) evaluaron la identificación taxonómica de la carne de animales silvestres comercializada en Camerún y de una incautación en un aeropuerto francés, identificando con éxito 12 especies de primates. También descubrieron que las especies de primates se identificaban de forma inexacta en las aduanas (en Francia) y por asistentes contratados en el mercado (en Camerún), lo que demuestra que la identificación precisa de las especies es fundamental para que las estrategias de conservación sean eficaces.

**Código de barras molecular (código de barras de ADN)**: análogo a los códigos de barras de los supermercados, es un sistema de identificación de especies que utiliza una secuencia corta de ADN de una muestra individual.

Una versión más sofisticada del método de código de barras molecular, conocida como metabarcodificación [(Quéméré et al. 2013](#bib126)), se basa en el mismo principio de código de barras, pero combina métodos de secuenciación de alto rendimiento (HTS por sus siglas en inglés) con bioinformática para co-amplificar y reconocer simultáneamente ADN de fuentes mixtas (por ejemplo, heces, agua, suelo o incluso aire). Este método se ha utilizado ampliamente en la última década para realizar inventarios de parásitos gastrointestinales, microbiomas y componentes de la dieta a partir de muestras fecales de primates [(Quéméré et al. 2013](#bib126), [Lan et al. 2023](#bib88), [Schneider et al. 2023](#bib136)). También es un método eficaz para la identificación forense de especies silvestres en muestras complejas que contienen una mezcla de diferentes especies, como productos manufacturados o suplementos dietéticos [(Arulandhu et al. 2017](#bib11)).

**Metabarcodificación**: identificación simultánea de especies mediante la secuenciación de un marcador de ADN específico a partir de una muestra mixta.

**Secuenciación de alto rendimiento (HTS)**: se refiere a las tecnologías de secuenciación que generan grandes cantidades de datos genéticos de forma relativamente más rápida y rentable que la secuenciación tradicional; también conocida como secuenciación de nueva generación (NGS).

2.3.2. Cuidado con el uso de códigos de barras moleculares.

A pesar de la enorme repercusión de la codificación de barras molecular y la metabarcodificación en la taxonomía molecular y la medicina forense, estos métodos son un arma de doble filo, ya que los cebadores universales pueden amplificar involuntariamente el ADN mitocondrial nuclear (numt) y obstaculizar el proceso de identificación. Entre los mamíferos, los numts son particularmente frecuentes en el genoma de los primates [(Mundy et al. 2000](#bib108), [Soto-Calderón et al. 2012](#bib144), [Dayama et al. 2020](#bib40)). Además, dada la rápida tasa de degradación del ADN mitocondrial en comparación con su homólogo nuclear en pelo, heces y pieles conservadas [(Berger et al. 2001](#bib16), [Foran 2006](#bib53), [Soto-Calderón et al. 2009](#bib145)), estas fuentes de ADN son más propensas a la amplificación de numts en primates que la sangre o los tejidos blandos [(Clifford et al. 2004](#bib34), [Soto-Calderón et al. 2012](#bib144)), por lo que se requiere la aplicación de protocolos para prevenir o discernir la amplificación de numts. Varias estrategias incluyen el diseño cuidadoso de cebadores y la identificación de mutaciones sin sentido o de cambio de marco en presuntas secuencias codificantes mitocondriales o ramas inesperadamente largas en una filogenia mitocondrial [(Anthony et al. 2007](#bib7), [Song et al. 2008](#bib142)).

**Copias nucleares de ADN mitocondrial (numts)**: se originan por transposición de fragmentos de ADN mitocondrial al genoma nuclear o por duplicación de otro numt.

2.3.3. Inferencia de orígenes geográficos.

A diferencia de la identificación de especies, el rastreo del origen geográfico de una muestra o individuo requiere la construcción de una base de datos genética/de genotipos de referencia (GRDB) de la especie en cuestión en toda su área de distribución, con suficiente representatividad y potencia para discriminar entre regiones geográficas. Mediante el análisis de las secuencias de ADN de la región de control mitocondrial, [Gani et al. (2021)](#bib58) determinaron la subespecie y el origen de 12 especímenes cautivos de *Hylobates lar* y [Clifford et al. (2004)](#bib34) discriminaron entre poblaciones septentrionales y meridionales de gorilas de llanura. Sin embargo, hasta la fecha los marcadores más utilizados para la asignación genética son los STR, que se han aplicado a numerosos taxones como los guacamayos ([Presti et al. 2015](#bib125)), elefantes africanos ([Wasser et al. 2022](#bib158)), chimpancés ([Ghobrial et al. 2010](#bib61)) y monos aulladores ([Oklander et al. 2020](#bib116)).

**Base de datos de genotipos de referencia (GRDB** por sus siglas en inglés**):** base de datos específica de variantes genéticas de individuos de toda la distribución de la especie; permite identificar el origen de muestras desconocidas comparándolas con la base de datos.

Aunque los recientes avances en HTS han permitido identificar marcadores STR de forma relativamente rápida y rentable [(De Barba et al. 2017](#bib41), [Roy et al. 2021](#bib133), [Alves et al. 2022](#bib4)), tradicionalmente se desarrollaban mediante la construcción de bibliotecas genómicas enriquecidas, las que resultaban costosas y requerían mucho tiempo [(Muniz & Vigilant 2008](#bib110)), lo que representa una limitación para la mayoría de los países que son hábitat de primates [(Di Rocco & Anello 2021](#bib46)). Una vez aislado un panel de STR para una especie de primate, los polimorfismos se pueden probar para su uso en especies estrechamente relacionadas [(Arandjelovic & Vigilant 2018](#bib10)). Se han construido bases de datos de referencia, por ejemplo, para *Pan* [(Gonder et al. 2011](#bib65)), *Oedipomidas* [(Acevedo-Garcés et al. 2021](#bib1)), *Gorila* [(Arandjelovic et al. 2010](#bib9)), macacos [(Zhou et al. 2023](#bib167)) y gibones ([Kheng et al. 2018](#bib83)). En varios casos, se han utilizado para asignar el origen geográfico de especímenes objeto de tráfico o comercio internacional antes de que se adoptara la CITES (Convención sobre el Comercio Internacional de Especies Amenazadas de Fauna y Flora Silvestres) en 1975 [(Hvilsom et al. 2013](#bib77), [Soto-Calderón et al. 2015](#bib143), [Oklander et al. 2020](#bib116), [McDonald et al. 2023](#bib100)). Un ejemplo es el uso de una base de datos STR de referencia para discernir diferentes unidades de gestión y estimar el origen de 22 especímenes confiscados del mono aullador sudamericano *Alouatta caraya*, la especie de primate que más se trafica en Argentina [(Oklander et al. 2020](#bib116)). Los autores de este estudio descubrieron que los orígenes asignados a la mayoría de los individuos confiscados eran principalmente zonas alrededor de la frontera entre Argentina y Paraguay (cerca de Chaco y Corrientes, las ciudades más grandes del noreste de Argentina) y la carretera nacional 12, que termina en Buenos Aires, donde se producen la mayoría de las confiscaciones. La venta ilegal de *A. caraya* ya había sido denunciada en varios puntos de esta carretera. Este ejemplo ilustra cómo el análisis genético ayuda a rastrear las rutas y los puntos clave del tráfico de especies silvestres, contribuyendo así a la planificación y aplicación de medidas de control más eficaces.

Todo lo anterior pone de relieve las aplicaciones de los marcadores genéticos y las bases de datos como herramientas para detectar y combatir el comercio ilegal de primates. Los análisis genéticos en casos forenses pueden evaluar con fiabilidad los efectos de la explotación y las necesidades de conservación de las especies, que de otro modo sería imposible determinar. Alentamos la producción de bases de datos genéticos de alta calidad para todas las especies de primates con el fin de aplicar análisis forenses de ADN en casos judiciales para contribuir a su conservación.

2.4. Variación genética neutra frente a variación genética adaptativa

Los estudios de genética de poblaciones se han basado históricamente en marcadores moleculares neutros o casi neutros para estimar los parámetros poblacionales y comprender los procesos demográficos. El nivel de diferenciación genética y la historia demográfica compartida entre poblaciones han sido clave para delimitar las denominadas unidades evolutivamente significativas (UES) y priorizar las poblaciones con fines de conservación [(Moritz 1994](#bib106), [Crandall et al. 2000](#bib39)). Sin embargo, puntos de vista más recientes destacan la importancia de incluir la variación adaptativa y la genética funcional en la definición de UES, unidades de gestión (UG) y unidades de conservación (UC) [(De Guia & Saitoh 2007](#bib42), [Palsbøll et al. 2007](#bib121), [Casacci et al. 2014](#bib26)). Aunque recién ahora se están reconociendo las conexiones claras entre la diversidad genética funcional y la adaptación de las poblaciones salvajes a los entornos locales (por ejemplo, el tipo de hábitat o las enfermedades infecciosas), los rápidos avances en la cartografía genética y los estudios de asociación en poblaciones genéticamente distintas parecen estar superando por fin estos obstáculos. Un ejemplo interesante es el reciente escaneo del genoma de dos subespecies de *Macaca mulatta* adaptadas a ambientes contrastantes, que mostró evidencia de selección positiva en genes implicados en la gluconeogénesis y la respuesta a la inanición, así como otros genes relacionados con la función cardiovascular y la respuesta a la temperatura ambiental [(Liu et al. 2018](#bib95)). Del mismo modo, se han encontrado polimorfismos en genes responsables de la adaptación local a la altitud en varias especies de monos narigudos *(Rhinopithecus*) [(Yu et al. 2016](#bib164)). Asimismo, la selección positiva en los receptores de citoquinas como respuesta al virus de la inmunodeficiencia simia explica las diferencias entre subespecies de chimpancés distribuidas en entornos contrastantes [(Schmidt et al. 2019](#bib135)).

**Unidad evolutivamente significativa (UES)**: conjunto de una o más poblaciones de una especie determinada con diferencias genéticas y adaptativas sustanciales que se considera un componente único de la especie, normalmente con fines de conservación.

Los recientes avances en genómica han permitido comprender mejor las conexiones entre genotipos y fenotipos y los procesos genéticos adaptativos en general, ya que la diversidad genética neutra puede no ser siempre un indicador preciso de tales fenómenos [(Kuang et al. 2023](#bib85)). Estos avances presentan una notable oportunidad para futuros análisis de variaciones genéticas funcionales asociadas a enfermedades y cambios ambientales, teniendo en cuenta que los desafíos adaptativos también pueden originarse por los efectos recientes de la creciente interacción con poblaciones de humanos y sus mascotas, la alteración del hábitat, la contaminación y el cambio climático, que afectan a los tipos y cantidad de recursos disponibles y a los patrones espaciales de las especies de parásitos [(Graham et al. 2016](#bib68), [Estrada et al. 2017](#bib49)). Algunos estudios pioneros en este ámbito advierten, por ejemplo, de la ampliación de la gama de parásitos que afectan a los lémures en Madagascar [(Barrett et al. 2013](#bib14), [De Winter et al. 2020](#bib43), [Marquès Gomila et al. 2023](#bib98)), incluidos helmintos *(Hymenolepis* spp. y *Trichuris* spp.), ácaros *(Schoutedenichia microcebi*), piojos *(Lemurpediculus* spp.) y garrapatas *(Haemaphysalis lemuris*), destacando tanto la importancia de estudiar nuevas interacciones como el papel de la inmunogenética en la respuesta de las especies de primates a los cambios antropogénicos [(Bradley & Lawler 2011](#bib21), [Larsen et al. 2014](#bib91)).

2.5. Rasgos del ciclo vital

Los rasgos clásicos de la historia vital representan propiedades de los organismos que están directamente relacionadas con los dos componentes principales de la aptitud: la supervivencia y la reproducción. En la bibliografía, el término “rasgo del ciclo vital” se utiliza a menudo indistintamente con componentes de la aptitud; como resultado, muchos caracteres fenotípicos tales como rasgos morfológicos, fisiológicos y de comportamiento con efectos importantes sobre la reproducción y la supervivencia han sido llamados rasgos del ciclo vital [(Flatt & Heyland 2011](#bib52)).

Hasta hace poco, todos los conocimientos existentes sobre los rasgos del ciclo vital y las pautas de dispersión de los primates procedían de estudios observacionales a largo plazo. Estos estudios brindaron información sobre el parentesco materno, el éxito reproductivo de las hembras y los patrones de dispersión al registrar la entrada o salida de individuos de los grupos en algunas especies. Sin embargo, estos estudios sólo fueron posibles tras años de seguimiento continuo [(Ross 1998](#bib131), [Strier 2008](#bib147)). Los análisis genéticos son factibles desde hace poco tiempo y pueden ayudar a confirmar datos observacionales recogidos previamente, además de proporcionar información sobre el éxito reproductivo de los machos, la paternidad y el parentesco paterno que es imposible obtener únicamente mediante la observación.

Desde que se empezaron a utilizar los STR, se han multiplicado los estudios sobre el sesgo reproductivo y el apareamiento extragrupal. Al principio, los STR desarrollados para humanos se utilizaban para especies filogenéticamente próximas, pero a medida que mejoró el acceso a estos marcadores, los estudios se ampliaron para incluir una amplia gama de otras especies. Varios autores han probado hipótesis sobre la asimetría reproductiva que, en general, demostraron una correlación positiva entre el alto rango de los machos y el éxito reproductivo [por ejemplo, *Papio cynocephalus* [(Altmann et al. 1996](#bib3)), *Pan troglodytes* [(Constable et al. 2001](#bib35)), *Pan paniscus* [(Gerloff et al. 1999](#bib60)), *Cercocebus torquatus* [(Gust et al. 1998](#bib71)), *Semnopithecus entellus* [(Launhardt et al. 2001](#bib92)), *Cebus capucinus* ([Muñiz et al. 2010](#bib109)), *A. caraya* [(Oklander et al. 2014](#bib118))], incluso en bonobos [*P. paniscus* [(Mouginot et al. 2023](#bib107))] y sifakas [*Propithecus verreauxi* [(Kappeler & Schäffler 2008](#bib82))]. Además, un reciente reanálisis de la asimetría reproductiva masculina en 31 especies de primates ([Ross et al. 2020](#bib132)) demostró que el efecto negativo del tamaño del grupo sobre la inclinación del apareamiento que se había observado anteriormente era un artefacto [(Kutsukake & Nunn 2006](#bib87)). Sin embargo, unos pocos estudios sugieren que la asimetría reproductiva puede disminuir considerablemente en las especies igualitarias o con jerarquías débiles [(Paul & Kuester 2004](#bib122), [Strier et al. 2011](#bib148)).

Existen excelentes revisiones sobre el efecto del parentesco en los primates y la aplicación de herramientas moleculares para estudiar la dispersión y el parentesco en los primates ([Strier 2008](#bib147), [Di Fiore 2009)](#bib45) que destacan las características de los sistemas sociales de los primates que resultan insolubles para que los investigadores los estudien sobre el terreno. Las pautas de dispersión y parentesco entre los individuos de los grupos están íntimamente ligadas. Si tanto las hembras como los machos se dispersan al alcanzar la madurez sexual (dispersión no sesgada), los grupos estarán compuestos por adultos de ambos sexos que no están emparentados entre sí. Si los machos son los que se dispersan y las hembras tienen un comportamiento filopátrico (dispersión con sesgo masculino), al analizar las relaciones de parentesco, encontramos que las hembras están emparentadas (madres/hijas, hermanas, hermanastras), porque han permanecido en el grupo. Por el contrario, si las hembras son las que se dispersan (dispersión con sesgo femenino), los machos del grupo estarán emparentados. Por lo tanto, dependiendo de la dispersión, es probable que los individuos pasen gran parte de su vida adulta en grupos con o sin parientes cercanos.

Como ya se ha mencionado, la aplicación de estudios moleculares es indispensable únicamente para estimar el éxito reproductivo masculino y el parentesco paterno, pero también puede ser un atajo para descifrar estos mismos rasgos en las hembras, permitiendo una comprensión mucho más rápida del parentesco genético dentro de los grupos y poblaciones y entre ellos, en comparación con los estudios observacionales multigeneracionales a largo plazo. Sin embargo, a la hora de asociar el comportamiento a la genética, como en la influencia de las relaciones de parentesco en los comportamientos cooperativos, afiliativos, competitivos y/o agresivos, sigue siendo necesario llevar a cabo estudios observacionales para reconocer a los individuos y registrar los comportamientos [(Chapais 2001](#bib29), [Smith 2014](#bib140)). Los estudios de modelos de selección de parentesco se han probado en varias especies de primates, mostrando resultados notablemente dispares [(Grebe et al. 2022](#bib69)). Esta variación en los resultados se discute a menudo en función de si es posible la discriminación de parentesco, necesaria para la selección de parentesco y la evitación de la endogamia ([Widdig 2007](#bib160)).

Los rasgos del ciclo biológico y los patrones de dispersión se ven influidos por los cambios ambientales, como la pérdida y fragmentación del hábitat ([Boyle & Smith 2010](#bib20), [Carretero-Pinzón et al. 2016](#bib24)). Cada vez se recurre más a los estudios genéticos para registrar la variación de estos rasgos y la endogamia/exogamia resultantes, comparando entornos conservados y perturbados.

**Exogamia**: descendencia de individuos con un parentesco lejano, como los pertenecientes a poblaciones, subespecies o especies históricamente aisladas.

La teoría de la evitación de la endogamia postula que los parientes evitarán aparearse porque la depresión endogámica puede reducir la aptitud de la descendencia. Al igual que otros estudios de campo sobre este tema, la investigación sobre la evitación de la endogamia en primates también ha arrojado resultados dispares. Algunos estudios afirman que la dispersión y la muerte son mecanismos suficientes para evitar la endogamia. Sin embargo, en los casos en los que los padres y su descendencia conviven durante largos periodos de tiempo, otros mecanismos deben estar en juego, ya que estudios genéticos en varias especies revelaron la evitación de parientes cercanos en la selección de pareja [(Vigilant et al. 2015](#bib157), [Godoy et al. 2016](#bib64), [Chaves et al. 2023](#bib32)). [Galezo et al. (2022)](#bib57) estudiaron los mecanismos de evitación en los babuinos y hallaron pruebas sólidas de que la elección de pareja promueve la evitación de la endogamia en las clases de parentesco con una relación mayor o igual a 0,25, siendo el parentesco materno más eficazmente discriminatorio en los grupos sociales no perturbados. Sin embargo, un grupo social que vivía en un hábitat antropogénicamente perturbado con una dispersión reducida de machos presentaba tasas de endogamia 10 veces superiores. En *A. caraya*, [Oklander et al. (2010)](#bib117) encontraron una alta diferenciación genética entre grupos en entornos fragmentados más un evento de incesto (una hembra engendró un hijo con su hijo anterior), lo que sugiere que la creciente fragmentación del hábitat puede haber limitado gravemente la capacidad de dispersión del grupo. En conjunto, estos ejemplos sugieren que los mecanismos de evitación de la endogamia pueden verse afectados significativamente por las perturbaciones antropogénicas.

**Depresión endogámica**: reducción de la aptitud biológica resultante de la endogamia causada por una mayor probabilidad de homocigosis de los rasgos hereditarios de enfermedad.

Revisando la bibliografía para Platyrrhini, sólo encontramos 10 artículos sobre la variación en los patrones de dispersión entre bosques fragmentados y continuos, y sólo cubrían especies que exhiben dispersión con sesgo masculino (*Cebus capucinus*; Fedigan & Jack 2001) y no sesgada (*Alouatta* spp.; [Van Belle & Estrada 2008](#bib155), [Oklander et al. 2010](#bib117)). Estos estudios sugieren que la fragmentación del hábitat influye en los patrones de dispersión. Parece que los machos siguen dispersándose independientemente de la fragmentación del hábitat, mientras que las hembras modifican su comportamiento de dispersión. Otros estudios que comparen poblaciones en entornos perturbados y no perturbados arrojarán luz sobre los límites de la plasticidad y podrían utilizarse para desarrollar acciones de gestión precisas en poblaciones de primates perturbadas.

Con estos ejemplos, pretendemos destacar la utilidad de los métodos moleculares para detectar la endogamia y el historial de dispersión de grupos y poblaciones sin observaciones a largo plazo. Por lo tanto, la genética puede ser más eficaz en términos de tiempo en algunos estudios de rasgos del ciclo vital que los estudios observacionales, aunque siempre hay que tener en cuenta la logística del muestreo, la disponibilidad de laboratorios para estos análisis y los costos.

2.6. Gestión *in situ* y *ex situ*

Muchas poblaciones de primates de todo el mundo son pequeñas y están cada vez más aisladas en paisajes dominados por el hombre. En este contexto, las especies de primates pueden requerir programas de gestión para su conservación a largo plazo, que implican centros *ex situ* ya sea para la rehabilitación de animales procedentes del tráfico o para programas de reproducción [(Gilbert & Soorae 2017](#bib62), [Pizzutto et al. 2021](#bib124), [Estrada & Garber 2022](#bib50)). Este tipo de gestión intensiva implica el trabajo conjunto de centros de rescate, científicos y autoridades locales o regionales, y subraya la importancia de un programa de conservación de enfoque único que vincule las iniciativas *in situ* y *ex situ* ([Traylor-Holzer et al. 2019](#bib153)).

Las poblaciones *ex situ* de primates son pequeñas o están dispersas en múltiples sitios, lo que las hace propensas a la extinción debido a la estocasticidad demográfica y a la erosión de la diversidad genética [(Lande 1988](#bib89), [1998](#bib90)). Dado el pequeño tamaño de sus poblaciones, el uso de libros genealógicos (libros de familia) es clave para reconocer las relaciones familiares (parentesco), seleccionar a los posibles reproductores y, de este modo, minimizar la probabilidad de depresión endogámica y la pérdida de diversidad genética ([Ayala-Burbano et al. 2020](#bib12), [Muñoz-Lora et al. 2020](#bib111)). Los métodos moleculares se vuelven esenciales para descubrir los orígenes geográficos de los animales entregados y confiscados que pueden aumentar la diversidad genética de las poblaciones *ex situ* ([Witzenberger & Hochkirch 2011](#bib162)).

La estrecha proximidad dentro de cada especie y entre ellas en los recintos de animales, la inmunosupresión inducida por el estrés y la introducción de especímenes con enfermedades genéticas pueden tener graves implicaciones epidemiológicas para las poblaciones *ex situ*, lo que exige el uso de métodos genéticos e inmunológicos para el diagnóstico precoz en primates y reservorios potenciales, y la toma de decisiones sobre el destino de los animales afectados. Durante la reciente pandemia de COVID-19, el diagnóstico molecular reveló la transmisión del virus SARS-CoV-2 de humanos a gorilas en el San Diego Zoo Safari Park [(USDA APHIS 2021](#bib154)). Asimismo, un análisis reciente de protistas gastrointestinales mediante un método de reacción en cadena de la polimerasa en tiempo real (PCR cuantitativa) en 10 especies de primates no humanos presentes en el Centro de Conservación del Zoológico de Córdoba (España) reveló una gran variedad de especies de parásitos, en parte debido al papel de otros reservorios como las ratas que viven en libertad [(Köster et al. 2021](#bib84)). Un caso notable fue la detección precoz del virus de la hepatitis de los calitrícidos en un grupo de tamarinos del Smithsonian National Zoological Park de Estados Unidos que iban a ser liberados en Brasil, lo que detuvo la translocación y puso de relieve la posible propagación del patógeno tras los programas de reintroducción [(Anderson 1991](#bib5)).

**Reintroducción**: liberación de individuos dentro de su distribución histórica conocida o inferida de la que han desaparecido.

El refuerzo o la reintroducción de poblaciones como prácticas de translocación para la conservación son estrategias importantes para las especies amenazadas, pero deben requerir una justificación rigurosa ([Zlatanova 2015](#bib169)) y formar parte de una estrategia más amplia que incluya iniciativas complementarias como la restauración del hábitat y la educación. En ambos tipos de translocaciones, la genética de la conservación puede ayudar a identificar el mejor lugar de liberación basándose en estudios de agrupaciones o unidades de conservación de la especie en cuestión previamente asignadas.

**Refuerzo:** liberación de individuos en una población existente de congéneres.

El retorno de estos animales a la naturaleza ha recibido un fuerte apoyo del público. Sin embargo, lo ideal sería que los animales objeto de tráfico se reintrodujeran en la población de la que fueron extraídos o se translocaran a otro lugar adecuado dentro del área de distribución original de la especie. La devolución de individuos a su hábitat natural puede tener consecuencias perjudiciales para el animal y/o el medio ambiente si las decisiones no se basan adecuadamente en pruebas científicas. En lo que respecta específicamente a la genética (sin entrar en más detalles sobre todas las recomendaciones dadas por la UICN para las translocaciones), cuando existe una estructura genética significativa dentro de una especie, las translocaciones de individuos a poblaciones diferentes de la población de origen pueden conducir inadvertidamente a la mezcla de linajes evolutivos distintos y homogeneizar la diversidad y los patrones biogeográficos existentes en lugar de protegerlos.

Para los estudios forenses, la asignación genética a una zona geográfica de origen sólo es posible cuando se dispone de una base de datos de genotipos de referencia adecuada para una especie con grupos separados (por ejemplo, UES, UG y UC) identificables por diferencias significativas en las distribuciones de frecuencias alélicas y divergencias significativas en loci mitocondriales o nucleares (Moritz 1994). Si se dispone de una base de datos de genotipos, se puede realizar un análisis de los individuos de procedencia desconocida para identificar la localidad o agrupación probable a la que pertenecen. Si se determina con antelación, esta identificación permitiría a los investigadores estimar la diversidad genética introducida en el medio ambiente antes de cada translocación y/o reintroducción.

Un estudio reciente de *A. caraya* asignó su origen geográfico tras dos eventos de translocación [(Oklander et al. 2020](#bib116)). Los autores descubrieron que sólo 1 de los 12 individuos había sido liberado en un lugar de su agrupación de origen, lo que dio lugar a la inyección de variación genética procedente de animales pertenecientes a agrupaciones genéticas diferentes. En la segunda translocación, tres de cada cinco individuos liberados pertenecían a la misma agrupación; por lo tanto, la translocación de estos animales también introdujo variabilidad genética no local, aunque en menor proporción.

Además, cuando se reintroducen animales, es crucial conocer los genotipos de los individuos fundadores para controlar el éxito y la viabilidad a largo plazo de las poblaciones restauradas. Tales estudios se han llevado a cabo con éxito en simios liberados [(Goossens et al. 2002](#bib66)), así como en un caso de translocaciones y reintroducciones del tití león *Leontopithecus rosalia* [(Moraes et al. 2017](#bib104)) en la selva atlántica de tierras bajas. [Moraes et al. (2017)](#bib104) recomiendan considerar el seguimiento genético de la población antes y después de las medidas de gestión y mantener la conectividad de la población. Estos ejemplos, y muchos otros, demuestran que las herramientas genéticas son necesarias para los programas *in situ* y *ex situ* en al menos tres escenarios: *(a*) identificación de las regiones de origen más probables de los individuos rescatados para determinar la idoneidad genética de las poblaciones potenciales para recibir individuos translocados, *(b*) análisis de los individuos en programas de cría para evitar la reproducción entre animales emparentados, y *(c*) posterior seguimiento y evaluación de los parámetros genéticos que garanticen un tamaño poblacional mínimo y el flujo genético entre las poblaciones. Salvo algunas excepciones [(Strier et al. 2017](#bib149)), la mayoría de los planes de gestión y conservación de la biodiversidad y las políticas públicas aún no han incorporado técnicas genéticas en las políticas y decisiones de translocación [(Torres-Florez et al. 2018](#bib152)). La genética puede proporcionar herramientas valiosas y la base científica necesaria para diseñar futuras translocaciones de conservación.

3. ¿CÓMO ANALIZAMOS LA GENÉTICA DE LA CONSERVACIÓN DE LOS PRIMATES?

Se debe recomendar a los biólogos, guardas de parques y naturalistas de campo que se familiaricen con las técnicas adecuadas de recogida de muestras, el valor científico potencial de las mismas y las oportunidades de investigación que presentan, así como alentarlos a recoger de forma responsable muestras de sus sujetos sobre el terreno, siempre que sea posible, en cumplimiento de la legislación nacional.

3.1. Muestreo

La obtención de tejido o sangre que implica sujeción física y/o química se denomina toma de muestras invasiva. Suele causar estrés al animal y presenta riesgos para la salud, incluidas lesiones y zoonosis, y consecuencias para su comportamiento futuro en presencia de seres humanos [(Pedersen & Davies 2009](#bib123)). Los individuos pueden ser capturados con trampas cebadas o recibir dardos con fármacos anestésicos o sedantes [(Jolly et al. 2011](#bib81)). Estos procedimientos deben ser supervisados por profesionales veterinarios, y el personal que manipule y tome muestras de animales salvajes debe cumplir las normas básicas de bioseguridad [(Soto-Calderón et al. 2023](#bib146)). Pueden colocarse etiquetas en las orejas, brazaletes o tatuajes a los animales con el fin de reconocerlos para futuros estudios y evitar un nuevo muestreo [(Honess & Macdonald 2011](#bib76)).

Para el análisis del ADN se han estudiado varios tipos de muestras que no requieren la sujeción del animal (no invasivas), como heces, pelo, orina y saliva (Constable et [al. 2001](#bib35), [Inoue et al. 2007](#bib78)). Los métodos no invasivos de muestreo evitan la captura de los animales, minimizando cualquier efecto físico o de comportamiento indeseable tanto en el animal como en el recolector. Las heces son el tipo de muestra no invasiva más extendido, y en algunos casos se pueden utilizar perros adiestrados para localizarlas [(Arandjelovic & Vigilant 2018](#bib10)). La ventaja del muestreo fecal es que, por lo general, puede realizarse durante el seguimiento, lo que garantiza la identificación del hospedador y la frescura de la muestra. En la recogida de muestras deben utilizarse siempre guantes y mascarilla para evitar contaminarlas con el ADN del recolector (los humanos somos primates, y es muy probable que las secuencias buscadas amplifiquen también nuestro propio ADN).

En las últimas décadas, los estudios genéticos no invasivos a partir de heces han revolucionado nuestra comprensión de la evolución, la estructura de las poblaciones, la filogeografía y el comportamiento de los primates. Las muestras fecales contienen bajas concentraciones de ADN del hospedador, que se mezcla con otras fuentes de ADN (alimentos, bacterias y parásitos intestinales, organismos ambientales) y, por lo tanto, son propensas a errores de genotipado como el drop-out alélico (es decir, la amplificación aleatoria de un solo alelo) que da lugar a una falsa homocigosidad [(Johnson & Haydon 2007](#bib80)). Se recomiendan estudios piloto para estimar la tasa de error, y se necesitan varias amplificaciones para obtener genotipos fiables [(Taberlet et al. 1996](#bib150), [Arandjelovic et al. 2009](#bib8)) [(Tabla 1](#tb1)).

**Drop-out alélico**: amplificación sesgada de uno de los dos alelos de un locus debido a la baja concentración de ADN, frecuente en muestras no invasivas.

**<COMP: PLEASE INSERT TABLE 1 HERE>**

Otra fuente de ADN no invasivo es la saliva, que se ha recogido de plantas masticadas que dejan caer los gorilas de montaña [(Smiley et al. 2010](#bib139)). También se ha recuperado ADN de la saliva en grupos de macacos tibetanos habituados utilizando dispositivos especialmente diseñados para este fin y colocados en árboles [(Simons et al. 2012](#bib137)).

3.2. Conservación de las muestras

Tanto las muestras de calidad (sangre o tejido) como las no invasivas (como las heces) sufren un proceso de degradación en el que unas enzimas llamadas nucleasas cortan el ADN en fragmentos más pequeños. La actividad enzimática aumenta en entornos húmedos y a altas temperaturas. En las muestras fecales, cuanto más tiempo pase entre la defecación y la recogida del material, mayor será la degradación sufrida por la muestra. Cuanto antes se recoja la muestra, mayor será la calidad del ADN. Existe una importante bibliografía sobre los métodos de almacenamiento, especialmente para muestras no invasivas [criopreservación ([Mazur 1970](#bib99)), kits comerciales ([Graham et al. 2008](#bib67) , [Duval et al. 2010](#bib48)), RNAlater ([Michaud & Foran 2011](#bib101), [Camacho-Sanchez et al. 2013](#bib23)) y específicamente para muestras de heces ([Morin et al. 2001](#bib105), [Nsubuga et al. 2004](#bib114), [Oklander et al. 2004](#bib119), [Ramón-Laca et al. 2015](#bib127))].

3.3. Extracción de ADN

Los métodos de extracción dependen del tipo de muestra. Las muestras de tejido y sangre pueden extraerse con diferentes combinaciones de disolventes (Chelex, PK-SDS/fenol/cloroformo, CTAB/cloroformo; Green & Sambrook 2012), aunque también existen kits comerciales. Por otro lado, la mayoría de los estudios que utilizaron ADN de muestras fecales emplearon principalmente un kit: elQIAamp® DNA Stool Kit de Qiagen [(Morin et al. 2001](#bib105), [Muniz & Vigilant 2008](#bib110), [Van Belle et al. 2012](#bib156)). Estos estudios suelen introducir modificaciones mínimas en el protocolo del kit para optimizar la extracción.

Las ventajas de estos kits son su purificación rápida y de alta calidad del ADN y que, por lo general, eliminan por completo los contaminantes e inhibidores. Las desventajas son su elevado costo y los retrasos y complicaciones que surgen en la importación de estos reactivos a los países de ingresos bajos y medios. En todos los casos, es importante que las reacciones de extracción de ADN incluyan controles negativos y que se tomen las precauciones adecuadas para evitar la contaminación (o la contaminación cruzada) de las muestras.

3.4. Selección de marcadores

Los primates son diploides, lo que significa que tienen dos copias de cada segmento de ADN (excepto los cromosomas sexuales). Como analogía, piense en el genoma (la colección completa de ADN) como una biblioteca, donde los cromosomas son los libros y los genes o loci son las frases dentro de los libros. Hasta hace muy poco era imposible estudiar el genoma completo, e incluso hoy resulta extremadamente caro tanto desde el punto de vista económico como computacional. Por lo tanto, la mayoría de los análisis consisten en utilizar la PCR para copiar estas “frases” o marcadores de interés tantas veces que el resto del ADN se vuelve insignificante. Esta técnica se realiza de forma similar a la extracción de ADN con controles negativos y requiere un cuidado extremo para evitar la contaminación. Para realizar estas copias, es necesario conocer las secuencias flanqueantes del locus de interés, conocidas como iniciadores o cebadores. Los productos de la PCR (ya sea por tamaño o por variación de la secuencia) pueden determinarse a continuación mediante secuenciadores automatizados. En función de la pregunta que queramos responder, podemos seleccionar distintos sitios polimórficos. Diversas técnicas han evolucionado desde la citogenética hasta la reciente HTS para obtener información de todo el genoma [(Tabla 2](#tb2)). Los más conocidos son los marcadores del ADN nuclear (polimorfismo en la longitud de fragmento amplificado, STR, polimorfismos de un solo nucleótido), el ADN mitocondrial (rastreo del linaje materno), el cromosoma Y (rastreo del linaje paterno) y los datos genómicos (RADSeq, elementos ultraconservados).

**<COMP: PLEASE INSERT TABLE 2 HERE>**

4. ¿QUÉ HEMOS HECHO HASTA AHORA?

Se realizaron búsquedas en Scopus para recopilar artículos, revisiones y capítulos de libros publicados entre enero de 2001 y octubre de 2023 con el fin de identificar tendencias en el uso de la genética y la genómica para diagnosticar y resolver problemas relacionados directa o indirectamente con la conservación o la gestión de poblaciones de primates. Se restringió la búsqueda al título, resumen y palabras clave utilizando los términos (conservation AND genetic\*) OR (conservation AND genomic\*) AND primate\*. Se excluyeron la investigación biomédica y los estudios evolutivos moleculares y cromosómicos, a menos que se aplicaran a la adaptación, la conservación o la ecología; se incluyeron los estudios genéticos y genómicos a nivel poblacional en taxonomía y sistemática molecular, diagnóstico de parásitos, adaptación, diseño de métodos moleculares, y microbioma y dieta con aplicaciones directas o indirectas en conservación y gestión. A pesar de esta búsqueda sistemática, es posible que hayamos pasado por alto publicaciones que carecían de alguna de las palabras clave de la búsqueda original (por ejemplo, primate\*); por lo tanto, nuestros resultados representan un subconjunto de estudios genéticos diseñados para abordar cuestiones de conservación. Los análisis genéticos de temas como la paternidad, la elección de pareja o la dispersión tienen implicancias directas para la conservación y la gestión, pero pueden no haber sido identificados por nuestros criterios de búsqueda. Los autores de las publicaciones se identificaron por continentes, definidos como África, Asia, Europa, América del Norte y América Neotropical (América del Sur, Central y México). Clasificamos a Turquía como parte de Europa.

La búsqueda arrojó 1.406 documentos, pero sólo 395 de ellos cumplían los criterios de búsqueda (véase el Material suplementario). Estos estudios se realizaron sobre múltiples géneros (27%) o sobre 1 de 56 géneros diferentes (73%). Los más representados (>3%) fueron *Macaca*, de localizaciones *in situ* y *ex situ*; *Rhinopithecus* y *Trachypithecus* del Sudeste Asiático; los grandes simios *Pan* y *Gorilla* de África Central; los sudamericanos y centroamericanos *Alouatta* y *Leontopithecus*; y el lémur *Microcebus* de Madagascar [(Figura 1](#fig1)).

**< COMP: PLEASE INSERT FIGURE 1 HERE>**

Figura 1 Proporción de 395 estudios (artículos, capítulos de libros y revisiones) en genética de la conservación de primates, obtenidos de la base de datos SCOPUS para el periodo comprendido entre enero de 2001 y octubre de 2023, dirigidos a géneros múltiples o únicos. “Otros géneros” se refiere a los géneros cubiertos por el 1% o menos del número total de estudios agrupados en un grupo.

Los autores de los estudios se encontraban en 76 países. Los países hábitat más representados (>1%) fueron China (8,9%), Brasil (5,7%), Madagascar (2,5%), Argentina (1,5%), Uganda (1,3%), Colombia (1,3%), Malasia (1,2%), Indonesia (1,2%) y Sudáfrica (1,1%) [(Figura 2](#fig2)). Autores provenientes de Europa y Norteamérica dirigieron o colaboraron en la mayoría de los estudios (67,1% y 56,7%, respectivamente), a pesar de que esas regiones no se encuentran dentro del área de distribución original de los primates no humanos existentes. A estas regiones les siguieron Asia, África y América Neotropical (38,7%, 24,8% y 23,8%, respectivamente). Sólo el 3% de los estudios tenían autores de Oceanía o de regiones no definidas. El inglés fue, por mucho, la lengua dominante (97,7%), seguido del chino (2,0%) y el español (0,3%).

**< COMP: PLEASE INSERT FIGURE 2 HERE>**

Figura 2 Mapa mundial que muestra los países en los que se encuentran 846 autores de 395 estudios (artículos, capítulos de libros y revisiones) sobre genética de la conservación de primates, publicados entre enero de 2001 y octubre de 2023.

Los 395 estudios tratan nueve temas diferentes o combinaciones de estos:

* Diversidad y estructura genéticas: variabilidad de las poblaciones *in situ* y *ex situ*, delimitación de unidades evolutivas y de gestión, filiación y parentesco, procesos demográficos (tamaños de población y migración), respuesta a la fragmentación y pérdida de hábitats, y respuesta a la explotación y la caza.
* Taxonomía y filogenética: identificación y diagnóstico de especies crípticas, descripción de nuevos géneros, promoción de subespecies a especies y delimitación de áreas de distribución de taxones y especies.
* Estudios cromosómicos: reconocimiento de sistemas de determinación del sexo, identificación de especies, diagnóstico de aneuploidías y evaluación de firmas cromosómicas de hibridación.
* Microbiomas y dieta: descripción de las comunidades del microbioma gastrointestinal utilizando principalmente la respuesta genómica al estrés, la dieta, el contacto con humanos y el cautiverio, y los hábitos alimentarios y su relación con las alteraciones del hábitat. Un estudio evaluó el microbioma vaginal en relación con la edad y el ciclo reproductivo.
* Genética funcional: adaptación local, respuesta al cambio climático, gen *CD94*, genes del complejo mayor de histocompatibilidad, epigenética (metilación) del envejecimiento, expresión de pequeños ARN interferentes, regulación de la expresión génica, genes de resistencia a los antimicrobianos, mutaciones deletéreas (fibrosis quística en orangutanes, cardiomiopatía en bonobos, mitocondriopatías, cáncer y casos de depresión endogámica) e implicaciones genéticas del cambio climático.
* Herramientas: bases de datos genéticos, métodos de muestreo (muestras no invasivas, ADN antiguo), tipos de datos genéticos/genómicos (STR, complejo mayor de histocompatibilidad, polimorfismos de un solo nucleótido) y métodos analíticos.
* Genética del paisaje: abordaje del problema de la dispersión y la conectividad funcional en diversos hábitats, tales como paisajes inundados, bosques fragmentados y tierras agrícolas, e identificar las zonas prioritarias para la restauración o las características del paisaje relevantes para la conservación.
* Interacciones parásito-primate: Los estudios sobre virología de primates representan aproximadamente un tercio de todos los estudios sobre este tema, seguidos de los estudios sobre parásitos unicelulares o pluricelulares. Esta área abarca informes sobre la detección molecular de infecciones parasitarias, la caracterización genética de los parásitos, los genes de resistencia en el hospedador y el impacto de las infecciones en la viabilidad del hospedador.
* Hibridación: reconocimiento de la hibridación y la introgresión genética. Varios acontecimientos corresponden a la hibridación natural histórica, mientras que otros son recientes y se derivan de factores antrópicos.

5. INVESTIGACIÓN Y DESAFÍOS FUTUROS

La última década ha sido testigo de un aumento espectacular de la disponibilidad de información genética [(Bradley & Lawler 2011](#bib21), [Kuderna et al. 2023](#bib86)). Esta información puede ayudar a diagnosticar enfermedades genéticas en la fauna salvaje, cuyos principales desafíos son identificar genes candidatos sometidos a selección y comprender el impacto de las mutaciones deletéreas en la viabilidad de las poblaciones. Los recientes avances tecnológicos han puesto de relieve los aspectos éticos del uso de herramientas de clonación o edición del genoma (como CRISPR-Cas9) para corregir mutaciones deletéreas como medio para salvaguardar de la extinción a especies amenazadas [(Johnson et al. 2016](#bib79), [Desalle & Amato 2017](#bib44)).

Los resultados de futuras investigaciones sobre la diversidad genética, la susceptibilidad genética a las enfermedades y la respuesta genética al cambio climático podrán integrarse en las evaluaciones del estado de conservación de las especies. Un área de investigación creciente es la genética del paisaje, que ha sido tremendamente útil para comprender el impacto de la pérdida y fragmentación del hábitat [(Montero et al. 2019](#bib103), [Westphal et al. 2021](#bib159)).

El reciente desarrollo y adopción de tecnologías HTS ha tenido un impacto moderado en los estudios primatológicos como consecuencia de la dificultad de obtener muestras de alta calidad que sólo pueden obtenerse de forma invasiva. Como ya se ha comentado, las muestras no invasivas representan un desafío no sólo para los análisis de locus específicos, sino también para los análisis genómicos con secuenciación masiva en paralelo. Por ejemplo, el ADN fecal produciría solo una pequeña proporción de lecturas que coinciden con el genoma del hospedador, aunque es posible enriquecer las células del hospedador antes de la secuenciación [(Chiou & Bergey 2018](#bib33)). Si bien estos análisis se han realizado en algunos casos [(Snyder-Mackler et al. 2016](#bib141), [Hernández-Rodríguez et al. 2018](#bib74)), para que se utilicen sistemáticamente a escala poblacional sería necesaria una mejora de la tecnología y una reducción sustancial de los costos [(Arandjelovic & Vigilant 2018](#bib10)).

Nuestra revisión bibliográfica reveló que la investigación sobre genética de la conservación en primates está sesgada geográficamente, ya que la mayoría de los estudios los realizan o dirigen instituciones e investigadores de países que no son hábitat, y que los datos genéticos no se han integrado plenamente en las políticas de conservación. Estas observaciones ponen de relieve la importancia de la colaboración transnacional para el desarrollo de capacidades, el aporte de recursos financieros y humanos, la creación y dotación de instalaciones de investigación en los países hábitat, la integración de la conservación de las víctimas del tráfico internacional con las poblaciones *ex situ* en países no nativos, y la facilitación de permisos de importación/exportación de muestras y suministros para la investigación [(Muñoz-Lora et al. 2020](#bib111)).

La brecha existente entre la bibliografía y la práctica de la conservación ha retrasado la resolución de los acuciantes problemas que se mencionan en la primera parte de esta reseña. Una posible explicación de esta desconexión es que los conocimientos obtenidos de la investigación científica no suelen comunicarse eficazmente a quienes tienen poder para formular y promulgar políticas. Necesitamos un mayor conocimiento de la utilidad de las herramientas genéticas para luchar contra el tráfico y de la relevancia de los atributos genéticos de las poblaciones en las decisiones de conservación y gestión de las partes interesadas gubernamentales y no gubernamentales. Por lo tanto, encontrar un terreno común entre las partes interesadas y los investigadores es clave para integrar la investigación científica en la toma de decisiones. Por último, hay que formar a más científicos en el uso, interpretación e integración de la investigación genética/genómica en el desarrollo de estrategias de conservación.

DECLARACIÓN DE DIVULGACIÓN

Los autores no tienen conocimiento de ninguna afiliación, membresía, financiación o participación financiera que pudiera considerarse que afecta a la objetividad de esta revisión.

AGRADECIMIENTOS

Agradecemos a Karen Strier su invitación a debatir este tema, a Bernardo Urbani y Sam Shanee sus valiosos comentarios sobre las primeras versiones, y a Andrea Hinek sus detalladas correcciones finales. L.I.O. dedica este artículo a su mentor, Daniel Corach.

BIBLIOGRAFÍA CITADA

Acevedo-Garcés YA, Valencia LM, Di Fiore A, Acevedo-Cendales LD, Rojas W, et al. 2021. Current and historical genetic structure of the white-footed tamarin (*Saguinus leucopus*). In *Molecular Ecology and Conservation Genetics of Neotropical Mammals*, ed. M Nardelli, JI Túnez, pp. 171–97. Cham, Switz.: Springer

Allendorf FW, Hohenlohe PA, Luikart G. 2010. Genomics and the future of conservation genetics. *Nat. Rev. Genet.* 11(10):697–709

Altmann J, Alberts SC, Haines SA, Dubach J, Muruthi P, et al. 1996. Behavior predicts genetic structure in a wild primate group. *PNAS* 93(12):5797–801

Alves F, Martins FMS, Areias M, Muñoz-Mérida A. 2022. Automating microsatellite screening and primer design from multi-individual libraries using micro-primers. *Sci. Rep.* 12:295

Anderson C. 1991. Emerging virus threat. *Nature* 351(9):89

Andersson AA, Tilley HB, Lau W, Dudgeon D, Bonebrake TC, Dingle C. 2021. CITES and beyond: illuminating 20 years of global, legal wildlife trade. *Glob. Ecol. Conserv.* 26:e01455

Anthony NM, Clifford SL, Bawe-Johnson M, Abernethy KA, Bruford MW, Wickings EJ. 2007. Distinguishing gorilla mitochondrial sequences from nuclear integrations and PCR recombinants: guidelines for their diagnosis in complex sequence databases. *Mol. Phylogenet. Evol.* 43(2):553–66

Arandjelovic M, Guschanski K, Schubert G, Harris TR, Thalmann O, et al. 2009. Two-step multiplex polymerase chain reaction improves the speed and accuracy of genotyping using DNA from noninvasive and museum samples. *Mol. Ecol. Resour.* 9(1):28–36

Arandjelovic M, Head J, Kühl H, Boesch C, Robbins MM, et al. 2010. Effective non-invasive genetic monitoring of multiple wild western gorilla groups. *Biol. Conserv.* 143(7):1780–91

Arandjelovic M, Vigilant L. 2018. Non-invasive genetic censusing and monitoring of primate populations. *Am. J. Primatol.* 80(3):e22743

Arulandhu AJ, Staats M, Hagelaar R, Voorhuijzen MM, Prins TW, Scholtens I, et al. 2017. Development and validation of a multi-locus DNA metabarcoding method to identify endangered species in complex samples. *Gigascience* 6(10):gix080

Ayala-Burbano PA, Galetti PM Jr., Wormell D, Pissinatti A, Marques MC, de Freitas PD. 2020. Studbook and molecular analyses for the endangered black-lion-tamarin; an integrative approach for assessing genetic diversity and driving management in captivity. *Sci. Rep.* 10:6781

Barido-Sottani J, Bošková V, Du Plessis L, Kühnert D, Magnus C, et al. 2018. Taming the BEAST—a community teaching material resource for BEAST 2. *Syst. Biol.* 67(1):170–74

Barrett MA, Brown JL, Junge RE, Yoder AD. 2013. Climate change, predictive modeling and lemur health: assessing impacts of changing climate on health and conservation in Madagascar. *Biol. Conserv.* 157:409–22

Blair ME, Gutierrez-Espeleta GA, Melnick DJ. 2013. Subspecies of the Central American squirrel monkey (*Saimiri oerstedii*) as units for conservation. *Int. J. Primatol.* 34(1):86–98

Berger A, Bruschek M, Grethen C, Sperl W, Kofler B. 2001. Poor storage and handling of tissue mimics mitochondrial DNA depletion. *Diagn. Mol. Pathol.* 10(1):55–59

Boubli JP, Byrne H, Ferreira da Silva MJ, Silva-Júnior J, Costa Araújo R, et al. 2019. On a new species of titi monkey (Primates: *Plecturocebus* Byrne et al., 2016), from Alta Floresta, southern Amazon, Brazil. *Mol. Phylogenet. Evol.* 132:117–37

Boubli JP, Ferreira da Silva MJ, Amado MV, Hrbek T, Pontual FB, Farias IP. 2008. A taxonomic reassessment of *Cacajao melanocephalus* Humboldt (1811), with the description of two new species. *Int. J. Primatol.* 29(3):723–41

Boubli JP, Rylands AB, Farias IP, Alfaro ME, Lynch-Alfaro J. 2012. *Cebus* phylogenetic relationships: a preliminary reassessment of the diversity of the untufted capuchin monkeys. *Am. J. Primatol.* 74(4):381–93

Boyle SA, Smith AT. 2010. Behavioral modifications in northern bearded saki monkeys (*Chiropotes satanas chiropotes*) in forest fragments of central Amazonia. *Primates* 51(1):43–51

Bradley BJ, Lawler RR. 2011. Linking genotypes, phenotypes, and fitness in wild primate populations. *Evol. Anthropol.* 20(3):104–19

Byrne H, Rylands AB, Carneiro JC, Alfaro JWL, Bertuol F, et al. 2016. Phylogenetic relationships of the New World titi monkeys (*Callicebus*): first appraisal of taxonomy based on molecular evidence. *Front. Zool.* 13:10

Camacho-Sanchez M, Burraco P, Gomez-Mestre I, Leonard JA. 2013. Preservation of RNA and DNA from mammal samples under field conditions. *Mol. Ecol. Resour.* 13(4):663–73

Carretero-Pinzón X, Defler TR, McAlpine CA, Rhodes JR. 2016. What do we know about the effect of patch size on primate species across life history traits? *Biodivers. Conserv.* 25(1):37–66

Carvalho Brcko I, Carneiro J, Ruiz-García M, Boubli JP, de Sousa e Silva-Júnior J, et al. 2022. Phylogenetics and an updated taxonomic status of the Tamarins (Callitrichinae, Cebidae). *Mol. Phylogenet. Evol.* 173:107504

Casacci LP, Barbero F, Balletto E. 2014. The “evolutionarily significant unit” concept and its applicability in biological conservation. *Ital. J. Zool.* 81(2):182–93

Ceballos G, Ehrlich PR, Barnosky AD, García A, Pringle RM, Palmer TM. 2015. Accelerated modern human–induced species losses: entering the sixth mass extinction. *Sci. Adv.* 1(5):e1400253

Chac LD, Thinh BB. 2023. Species identification through DNA barcoding and its applications: a review. *Biol. Bull.* 50(6):1143–56

Chapais B. 2001. Primate nepotism: What is the explanatory value of kin selection? *Int. J. Primatol.* 22(2):203–29

Chapple DG, Ritchie PA. 2013. A retrospective approach to testing the DNA barcoding method. *PLOS ONE* 8(11):77882

Chaves PB, Magnus T, Jerusalinsky L, Talebi M, Strier KB, et al. 2019. Phylogeographic evidence for two species of muriqui (genus *Brachyteles*). *Am. J. Primatol.* 81(12):e23066

Chaves PB, Strier KB, Di Fiore A. 2023. Paternity data reveal high MHC diversity among sires in a polygynandrous, egalitarian primate. *Proc. R. Soc. B* 290:20231035

Chiou KL, Bergey CM. 2018. Methylation-based enrichment facilitates low-cost, noninvasive genomic scale sequencing of populations from feces. *Sci. Rep.* 8:1975

Clifford SL, Anthony NM, Bawe-Johnson M, Abernethy KA, Tutin CEG, et al. 2004. Mitochondrial DNA phylogeography of western lowland gorillas (*Gorilla gorilla gorilla*). *Mol. Ecol.* 13(6):1551–65

Constable JL, Ashley MV, Goodall J, Pusey AE. 2001. Noninvasive paternity assignment in Gombe chimpanzees. *Mol. Ecol.* 10(5):1279–300

Conv. Biol. Divers. 2022. *Final text of Kunming-Montreal Global Biodiversity Framework available in all languages*. Press Release, Conv. Biol. Divers., Montreal, Can., Dec. 22. https://www.cbd.int/article/cop15-final-text-kunming-montreal-gbf-221222

Costa-Araújo R, de Melo FR, Canale GR, Hernández-Rangel SM, Messias MR, et al. 2019. The Munduruku marmoset: a new monkey species from southern Amazonia. *PeerJ* 7:e7019

Costa-Araújo R, de Sousa e Silva-Júnior J, Boubli JP, Rossi RV, Canale GR, et al. 2021. An integrative analysis uncovers a new, pseudo-cryptic species of Amazonian marmoset (Primates: Callitrichidae: Mico) from the arc of deforestation. *Sci. Rep.* 11:15665

Crandall KA, Bininda-Emonds OR, Mace GM, Wayne RK. 2000. Considering evolutionary processes in conservation biology. *TREE* 15(7):290–95

Dayama G, Zhou W, Prado-Martinez J, Marques-Bonet T, Mills RE. 2020. Characterization of nuclear mitochondrial insertions in the whole genomes of primates. *NAR Genom. Bioinform.* 2(4):lqaa089

De Barba M, Miquel C, Lobréaux S, Quenette PY, Swenson JE, Taberlet P. 2017. High-throughput microsatellite genotyping in ecology: improved accuracy, efficiency, standardization and success with low-quantity and degraded DNA. *Mol. Ecol. Resour.* 17(3):492–507

De Guia APO, Saitoh T. 2007. The gap between the concept and definitions in the evolutionarily significant unit: the need to integrate neutral genetic variation and adaptive variation. *Ecol. Res.* 22(4):604–12

De Winter II, Umanets A, Gort G, Nieuwland WH, van Hooft P, et al. 2020. Effects of seasonality and previous logging on faecal helminth-microbiota associations in wild lemurs. *Sci. Rep.* 10:16818

Desalle R, Amato G. 2017. Conservation genetics, precision conservation, and de-extinction. *Hastings Cent. Rep.* 47:S18–23

Di Fiore A. 2009. Genetic approaches to the study of dispersal and kinship in New World primates. In *South American Primates*, ed. PA Garber, A Estrada, JC Bicca-Marques, EW Heymann, KB Strier, pp. 211–50. New York: Springer

Di Rocco F, Anello M. 2021. The use of forensic DNA on the conservation of neotropical mammals. In *Molecular Ecology and Conservation Genetics of Neotropical Mammals*, ed. M Nardelli, JI Túnez, pp. 85–98. Cham, Switz.: Springer

Dipita AD, Missoup AD, Tindo M, Gaubert P. 2022. DNA-typing improves illegal wildlife trade surveys: tracing the Cameroonian bushmeat trade. *Biol. Conserv.* 269:109552

Duval K, Aubin RA, Elliott J, Gorn-Hondermann I, Birnboim HC, et al. 2010. Optimized manual and automated recovery of amplifiable DNA from tissues preserved in buffered formalin and alcohol-based fixative. *Forensic Sci. Int. Genet.* 4(2):80–88

Estrada A, Garber PA. 2022. Principal drivers and conservation solutions to the impending primate extinction crisis: introduction to the special issue. *Int. J. Primatol.* 43(Spec. Issue):1–14

Estrada A, Garber PA, Rylands AB, Roos C, Fernandez-Duque E, et al. 2017. Impending extinction crisis of the world’s primates: why primates matter. *Sci. Adv.* 3(1):e1600946

Fedigan LM, Jack K. 2001. Neotropical primates in a regenerating Costa Rican dry forest: a comparison of howler and capuchin population patterns. *Int. J. Primatol*. 22:689–713

Flatt T, Heyland A. 2011. *Mechanisms of Life History Evolution: The Genetics and Physiology of Life History Traits and Trade-Offs*. Oxford, UK: Oxford Univ. Press

Foran DR. 2006. Relative degradation of nuclear and mitochondrial DNA: an experimental approach. *J. Forensic Sci.* 51(4):766–70

Frandsen P, Fontsere C, Nielsen SV, Hanghøj K, Castejon-Fernandez N, Lizano E, et al. 2020. Targeted conservation genetics of the endangered chimpanzee. *Heredity* 125(1/2):15–27

Frankham R. 2019. Conservation genetics. In *Encyclopedia of Ecology*, Vol. 1, ed. B Fath, pp. 382–90. Amsterdam: Elsevier. 2nd ed.

Frankham R, Bradshaw CJA, Brook BW. 2014. Genetics in conservation management: revised recommendations for the 50/500 rules, Red List criteria and population viability analyses. *Biol. Conserv.* 170:56–63

Galezo AA, Nolas MA, Fogel AS, Mututua RS, Warutere JK, et al. 2022. Mechanisms of inbreeding avoidance in a wild primate. *Curr. Biol.* 32(7):1607–15.e4

Gani M, Rovie-Ryan JJ, Sitam FT, Kulaimi NAM, Zheng CC, et al. 2021. Taxonomic and genetic assessment of captive white-handed gibbons (*Hylobates lar*) in Peninsular Malaysia with implications towards conservation translocation and reintroduction programmes. *Zookeys* 1076:25–41

Gaubert P, Njiokou F, Olayemi A, Pagani P, Dufour S, Danquah E, et al. 2015. Bushmeat genetics: setting up a reference framework for the DNA typing of African forest bushmeat. *Mol. Ecol. Res.* 15(3):633–51

Gerloff U, Hartung B, Fruth B, Hohmann G, Tautz D. 1999. Intracommunity relationships, dispersal pattern and paternity success in a wild living community of bonobos (*Pan paniscus*) determined from DNA analysis of faecal samples. *Proc. R. Soc. B* 266(1424):1189–95

Ghobrial L, Lankester F, Kiyang JA, Akih AE, de Vries S, et al. 2010. Tracing the origins of rescued chimpanzees reveals widespread chimpanzee hunting in Cameroon. *BMC Ecol*. 10:2

Gilbert T, Soorae PS. 2017. The role of zoos and aquariums in reintroductions and other conservation translocations. *Int. Zoo Yearb.* 51(1):9–14

Gippoliti S. 2019. Species delimitation in mammals: a comment on Zachos 2018. *Mamm. Biol.* 94(1):127–31

Godoy I, Vigilant L, Perry SE. 2016. Inbreeding risk, avoidance and costs in a group-living primate, *Cebus capucinus*. *Behav. Ecol. Sociobiol.* 70:1601–11

Gonder MK, Locatelli S, Ghobrial L, Mitchell MW, Kujawski JT, et al. 2011. Evidence from Cameroon reveals differences in the genetic structure and histories of chimpanzee populations. *PNAS* 108(12):4766–71

Goossens B, Funk SM, Vidal C, Latour S, Jamart A, et al. 2002. Measuring genetic diversity in translocation programmes: principles and application to a chimpanzee release project. *Anim. Conserv.* 5(3):225–36

Graham EAM, Turk EE, Rutty GN. 2008. Room temperature DNA preservation of soft tissue for rapid DNA extraction: an addition to the disaster victim identification investigators toolkit? *Forensic Sci. Int. Genet.* 2(1):29–34

Graham TL, Matthews HD, Turner SE. 2016. A global-scale evaluation of primate exposure and vulnerability to climate change. *Int. J. Primatol.* 37(2):158–74

Grebe NM, Hirwa JP, Stoinski TS, Vigilant L, Rosenbaum S, Kalan AK. 2022. Mountain gorillas maintain strong affiliative biases for maternal siblings despite high male reproductive skew and extensive exposure to paternal kin. *eLife* 11:e80822

Green MR, Sambrook J. 2012. *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*. New York: Cold Spring Harbor Lab. Press. 4th ed.

Guschanski K, Krause J, Sawyer S, Valente LM, Bailey S, et al. 2013. Next-generation museomics disentangles one of the largest primate radiations. *Syst. Biol.* 62(4):539–54

Gust DA, McCaster T, Gordon TP, Gergits WF, Casna NJ, McClure HM. 1998. Paternity in sooty mangabeys. *Int. J. Primatol*. 19(1):83–94

Gutiérrez EE, Garbino GS. 2018. Species delimitation based on diagnosis and monophyly, and its importance for advancing mammalian taxonomy. *Zool. Res.* 39(5):301–8

Hajibabaei M, Singer GAC, Hickey DA. 2006. Benchmarking DNA barcodes: an assessment using available primate sequences. *Genome* 49(7):851–54

Hebert PDN, Ratnasingham S, de Waard JR. 2003. Barcoding animal life: cytochrome *c* oxidase subunit 1 divergences among closely related species. *Proc. R. Soc. London B* 270(Suppl. 1):S96–99

Hernandez-Rodriguez J, Arandjelovic M, Lester J, de Filippo C, Weihmann A, et al. 2018. The impact of endogenous content, replicates and pooling on genome capture from faecal samples. *Mol. Ecol. Resour.* 18(2):319–33

Hoban S, Bruford M, D’Urban Jackson J, Lopes-Fernandes M, Heuertz M, et al. 2020. Genetic diversity targets and indicators in the CBD post-2020 Global Biodiversity Framework must be improved. *Biol. Conserv.* 248:108654

Honess PE, Macdonald DW. 2011. Marking and radio-tracking primates. In *Field and Laboratory Methods in Primatology: A Practical Guide*, ed. DJ Curtis, JM Setchell, pp. 189–206. Cambridge, UK: Cambridge Univ. Press. 2nd ed.

Hvilsom C, Frandsen P, Børsting C, Carlsen F, Sallé B, et al. 2013. Understanding geographic origins and history of admixture among chimpanzees in European zoos, with implications for future breeding programmes. *Heredity* 110(6):586–93

Inoue E, Inoue-Murayama M, Takenaka O, Nishida T. 2007. Wild chimpanzee infant urine and saliva sampled noninvasively usable for DNA analyses. *Primates* 48(2):156

IUCN (Int. Union Conserv. Nat.). 2012. *Red List Categories and Criteria: Version 3.1*. Gland, Switz./Cambridge, UK: IUCN. 2nd ed. https://portals.iucn.org/library/node/10315

Johnson JA, Altwegg R, Evans DM, Ewen JG, Gordon IJ, et al. 2016. Is there a future for genome-editing technologies in conservation? *Anim. Conserv.* 19(2):97–101

Johnson PCD, Haydon DT. 2007. Maximum-likelihood estimation of allelic dropout and false allele error rates from microsatellite genotypes in the absence of reference data. *Genetics* 175(2):827–42

Jolly CJ, Müller AE, Phillips-Conroy JE. 2011. Trapping primates. In *Field and Laboratory Methods in Primatology: A Practical Guide*, ed. DJ Curtis, JM Setchell, pp. 133–46. Cambridge, UK: Cambridge Univ. Press. 2nd ed.

Kappeler PM, Schäffler L. 2008. The lemur syndrome unresolved: extreme male reproductive skew in sifakas (*Propithecus verreauxi*), a sexually monomorphic primate with female dominance. *Behav. Ecol. Sociobiol.* 62(6):1007–15

Kheng V, Zichello JM, Lumbantobing DN, Lawalata SZS, Andayani N, Melnick DJ. 2018. Phylogeography, population structure, and conservation of the Javan gibbon (*Hylobates moloch*). *Int. J. Primatol.* 39(1):5–26

Köster PC, Dashti A, Bailo B, Muadica AS, Maloney JG, et al. 2021. Occurrence and genetic diversity of protist parasites in captive non-human primates, zookeepers, and free-living sympatric rats in the Córdoba Zoo Conservation Centre, Southern Spain. *Animals* 11(3):700

Kuang W, Zinner D, Li Y, Yao X, Roos C, Yu L. 2023. Recent advances in genetics and genomics of snub-nosed monkeys (*Rhinopithecus*) and their implications for phylogeny, conservation, and adaptation. *Genes* 14(5):985

Kuderna LFK, Gao H, Janiak MC, Kuhlwilm M, Orkin JD, et al. 2023. A global catalog of whole-genome diversity from 233 primate species. *Science* 380(6648):906–13

Kutsukake N, Nunn CL. 2006. Comparative tests of reproductive skew in male primates: the roles of demographic factors and incomplete control. *Behav. Ecol. Sociobiol.* 60(5):695–706

Lan L-Y, Hong Q-X, Gao S-M, Li Q, You Y-Y, et al. 2023. Gut microbiota of skywalker hoolock gibbons (*Hoolock tianxing*) from different habitats and in captivity: implications for gibbon health. *Am. J. Primatol.* 85(4):e23468

Lande R. 1988. Genetics and demography in biological conservation. *Science* 241(4872):1455–60

Lande R. 1998. Anthropogenic, ecological and genetic factors in extinction and conservation. *Rev. Popul. Ecol.* 40(3):259–69

Larsen PA, Campbell CR, Yoder AD. 2014. Next-generation approaches to advancing eco-immunogenomic research in critically endangered primates. *Mol. Ecol. Resour.* 14(6):1198–209

Launhardt K, Borries C, Hardt C, Epplen JT, Winkler P. 2001. Paternity analysis of alternative male reproductive routes among the langurs (*Semnopithecus entellus*) of Ramnagar. *Anim. Behav.* 61(1):53–64

Leaché AD, Fujita MK, Minin VN, Bouckaert RR. 2014. Species delimitation using genome-wide SNP data. *Syst. Biol.* 63(4):534–42

Lima MGM, Buckner JC, de Sousa e Silva-Júnior J, Aleixo A, Martins AB, et al. 2017. Capuchin monkey biogeography: understanding *Sapajus* Pleistocene range expansion and the current sympatry between *Cebus* and *Sapajus*. *J. Biogeogr.* 44(4):810–20

Liu Z, Tan X, Orozco-TerWengel P, Zhou X, Zhang L, et al. 2018. Population genomics of wild Chinese rhesus macaques reveals a dynamic demographic history and local adaptation, with implications for biomedical research. *Gigascience* 7(9):giy106

Lopes GP, Rohe F, Bertuol F, Polo E, Lima IJ, et al. 2023. Taxonomic review of *Saguinus mystax* (Spix, 1823) (Primates, Callitrichidae), and description of a new species. *PeerJ* 11:e14526

Maldonado AM, Soto-Calderón ID, Hinek A, Moreno-Sierra AM, Lafon T, et al. 2023. Conservation status of the Nancy Ma’s owl monkey (*Aotus nancymaae*, Hershkovitz, 1983) on the Colombian–Peruvian Amazon border. In *Owl Monkeys: Biology, Adaptive Radiation, and Behavioral Ecology of the Only Nocturnal Primate in the Americas*, ed. E Fernandez-Duque, pp. 623–47. Cham, Switz.: Springer

Marquès Gomila C, Kiene F, Klein A, Kessler SE, Zohdy S, et al. 2023. Host-related and environmental factors influence long-term ectoparasite infestation dynamics of mouse lemurs in northwestern Madagascar. *Am. J. Primatol.* 85(6):e23494

Mazur P. 1970. Cryobiology: the freezing of biological systems. *Science* 168(3934):939–49

McDonald MM, Cunneyworth PMK, Anderson AG, Wroblewski E. 2023. Wild origins and mitochondrial genetic diversity of Angolan colobus monkeys (*Colobus angolensis*) in AZA-accredited zoos and its implications for ex situ population management. *Zoo Biol.* 42(5):668–74

Michaud CL, Foran DR. 2011. Simplified field preservation of tissues for subsequent DNA analyses. *J. Forensic Sci.* 56(4):846–52

Minhós T, Wallace E, Ferreira da Silva MJ, Sá RM, Carmo M, et al. 2013. DNA identification of primate bushmeat from urban markets in Guinea-Bissau and its implications for conservation. *Biol. Conserv.* 167:43–49

Montero BK, Refaly E, Ramanamanjato JB, Randriatafika F, Rakotondranary SJ, et al. 2019. Challenges of next-generation sequencing in conservation management: insights from long-term monitoring of corridor effects on the genetic diversity of mouse lemurs in a fragmented landscape. *Evol. Appl.* 12(3):425–42

Moraes AM, Ruiz-Miranda CR, Ribeiro MC, Grativol AD, Carvalho CD, et al. 2017. Temporal genetic dynamics of reintroduced and translocated populations of the endangered golden lion tamarin (*Leontopithecus rosalia*). *Conserv. Genet.* 18(5):995–1009

Morin PA, Chambers KE, Boesch C, Vigilant L. 2001. Quantitative polymerase chain reaction analysis of DNA from noninvasive samples for accurate microsatellite genotyping of wild chimpanzees (*Pan troglodytes verus*). *Mol. Ecol.* 10(7):1835–44

Moritz C. 1994. Defining “evolutionarily significant units” for conservation. *Trends. Ecol. Evol.* 9(10):373–75

Mouginot M, Cheng L, Wilson ML, Feldblum JT, Städele V, et al. 2023. Reproductive inequality among males in the genus *Pan*. *Philos. Trans. R. Soc. B* 378(1883):20220301

Mundy NI, Pissinatti A, Woodruff DS. 2000. Multiple nuclear insertions of mitochondrial cytochrome *b* sequences in Callitrichine primates. *Mol. Biol. Evol.* 17(7):1075–80

Muniz L, Perry S, Manson JH, Gilkenson H, Gros-Louis J, Vigilant L. 2010. Male dominance and reproductive success in wild white-faced capuchins (*Cebus capucinus*) at Lomas Barbudal, Costa Rica. *Am. J. Primatol.* 72(12):1118–30

Muniz L, Vigilant L. 2008. Isolation and characterization of microsatellite markers in the white-faced capuchin monkey (*Cebus capucinus*) and cross-species amplification in other New World monkeys. *Mol. Ecol. Resour.* 8:402–5

Muñoz-Lora ML, Gómez-Cadenas K, Falla AC, Soto-Calderón ID. 2020. Trends in the use of studbooks in captive breeding programs of neotropical primates. *Neotrop. Primates* 26:30–40

Nater A, Mattle-Greminger MP, Nurcahyo A, Nowak MG, de Manuel M, et al. 2017. Morphometric, behavioral, and genomic evidence for a new orangutan species. *Curr. Biol.* 27(22):3487–98.e10

Nowak MG, Rianti P, Wich SA, Meijaard E, Fredriksson G. 2023. Pongo tapanuliensis (*amended version of 2017 assessment*). Red List Assess., IUCN (Int. Union Conserv. Nat.). https://doi.org/10.2305/IUCN.UK.2023-1.RLTS.T120588639A247632253.en

Nsubuga AM, Robbins MM, Roeder AD, Morin PA, Boesch C, Vigilant L. 2004. Factors affecting the amount of genomic DNA extracted from ape faeces and the identification of an improved sample storage method. *Mol. Ecol.* 13(7):2089–94

Oklander LI, Caputo M, Fernández GP, Jerusalinsky L, de Oliveira SF, et al. 2022. Gone with the water: the loss of genetic variability in black and gold howler monkeys (*Alouatta caraya*) due to dam construction. *Front. Ecol. Evol.* 10:85

Oklander LI, Caputo M, Solari A, Corach D. 2020. Genetic assignment of illegally trafficked neotropical primates and implications for reintroduction programs. *Sci. Rep.* 10:3676

Oklander LI, Kowalewski MM, Corach D. 2010. Genetic consequences of habitat fragmentation in black-and-gold howler (*Alouatta caraya*) populations from northern Argentina. *Int. J. Primatol.* 31(5):813–32

Oklander LI, Kowalewski MM, Corach D. 2014. Male reproductive strategies in black and gold howler monkeys (*Alouatta caraya*). *Am. J. Primatol.* 76(1):43–55

Oklander LI, Marino M, Zunino GE, Corach D. 2004. Preservation and extraction of DNA from feces in howler monkeys (*Alouatta caraya*). *Neotrop. Primates* 12(2):59–63

Oklander LI, Willoughby JR, Corach D, Cortés-Ortiz L. 2021. Using genetic diversity estimates in the assessment of the conservation status of neotropical primates. In *Molecular Ecology and Conservation Genetics of Neotropical Mammals*, ed. M Nardelli, JI Túnez, pp. 261–75. Cham, Switz.: Springer

Palsbøll PJ, Berube M, Allendorf FW. 2007. Identification of management units using population genetic data. *TREE* 22(1):11–16

Paul A, Kuester J. 2004. The impact of kinship on mating and reproduction. In *Kinship and Behavior in Primates*, ed. B Chapais, CM Berman, pp. 271–91. Oxford, UK: Oxford Univ. Press

Pedersen AB, Davies TJ. 2009. Cross-species pathogen transmission and disease emergence in primates. *Ecohealth* 6(4):496–508

Pizzutto CS, Colbachini H, Jorge-Neto PN. 2021. One conservation: the integrated view of biodiversity conservation. *Anim. Reprod.* 18(2):e20210024

Presti FT, Guedes NMR, Antas PTZ, Miyaki CY. 2015. Population genetic structure in hyacinth macaws (*Anodorhynchus hyacinthinus*) and identification of the probable origin of confiscated individuals. *J. Hered.* 106:491–502

Quéméré E, Hibert F, Miquel C, Lhuillier E, Rasolondraibe E, et al. 2013. A DNA metabarcoding study of a primate dietary diversity and plasticity across its entire fragmented range. *PLOS ONE* 8(3):e58971

Ramón-Laca A, Soriano L, Gleeson D, Godoy JA. 2015. A simple and effective method for obtaining mammal DNA from faeces. *Wildl. Biol.* 21(4):195–203

Rashid NRA, Ali ME, Hamid SBA, Rahman MM, Razzak MA, et al. 2015. A suitable method for the detection of a potential fraud of bringing macaque monkey meat into the food chain. *Food Addit. Contam. A* 32(7):1013–22

Ratnasingham S, Hebert PDN. 2007. BOLD: the Barcode of Life Data System (http://www.barcodinglife.org). *Mol. Ecol. Notes* 7(3):355–64

Rönn AC, Andrés O, López-Giráldez F, Johnsson-Glans C, Verschoor EJ, et al. 2009. First generation microarray system for identification of primate species subject to bushmeat trade. *Endanger. Species Res*. 9(2):133–42

Ross CT. 1998. Primate life histories. *Evol. Anthropol.* 6:54–63

Ross CT, Jaeggi AV, Borgerhoff Mulder M, Smith JE, Smith EA, et al. 2020. The multinomial index: a robust measure of reproductive skew. *Proc. R. Soc. B* 287:20202025

Roy D, Lehnert SJ, Venney CJ, Walter R, Heath DD. 2021. *NGS-μsat*: bioinformatics framework supporting high throughput microsatellite genotyping from next generation sequencing platforms. *Conserv. Genet. Resour.* 13(2):161–73

Ruiz-García M, Sánchez-Castillo S, Castillo MI, Luengas K, Ortega JM, et al. 2019. The mystery of the origins of *Cebus albifrons malitiosus* and *Cebus albifrons hypoleucus*: Mitogenomics and microsatellite analyses revealed an amazing evolutionary history of the Northern Colombian white-fronted capuchins. *Mitochondrial DNA A* 30(3):525–47

Schmidt JM, de Manuel M, Marques-Bonet T, Castellano S, Andrés AM. 2019. The impact of genetic adaptation on chimpanzee subspecies differentiation. *PLOS Genet*. 15(11):e1008485

Schneider J, Brun L, Taberlet P, Fumagalli L, van de Waal E. 2023. Molecular assessment of dietary variation in neighbouring primate groups. *Methods Ecol. Evol.* 14(8):1925–36

Simons ND, Lorenz JG, Sheeran LK, Li JH, Xia DP, Wagner RS. 2012. Noninvasive saliva collection for DNA analyses from free-ranging Tibetan macaques (*Macaca thibetana*). *Am. J. Primatol.* 74(11):1064–70

Smart U, Cihlar JC, Budowle B. 2021. International wildlife trafficking: a perspective on the challenges and potential forensic genetics solutions. *Forensic Sci. Int. Genet.* 54:102551

Smiley T, Spelman L, Lukasik-Braum M, Mukherjee J, Kaufman G, et al. 2010. Noninvasive saliva collection techniques for free-ranging mountain gorillas and captive eastern gorillas. *J. Zoo Wildl. Med.* 41(2):201–9

Smith JE. 2014. Hamilton’s legacy: kinship, cooperation and social tolerance in mammalian groups. *Anim. Behav.* 92:291–304

Snyder-Mackler N, Majoros WH, Yuan ML, Shaver AO, Gordon JB, et al. 2016. Efficient genome-wide sequencing and low-coverage pedigree analysis from noninvasively collected samples. *Genetics* 203(2):699–714

Song H, Buhay JE, Whiting MF, Crandall KA. 2008. Many species in one: DNA barcoding overestimates the number of species when nuclear mitochondrial pseudogenes are coamplified. *PNAS* 105(36):13486–91

Soto-Calderón ID, Dew JL, Bergl RA, Jensen-Seaman MI, Anthony NM. 2015. Admixture between historically isolated mitochondrial lineages in captive western gorillas: recommendations for future management. *J. Hered.* 106(3):310–14

Soto-Calderón ID, Lee EJ, Jensen-Seaman MI, Anthony NM. 2012. Factors affecting the relative abundance of nuclear copies of mitochondrial DNA (numts) in hominoids. *J. Mol. Evol.* 75(3–4):102–11

Soto-Calderón ID, Ntie S, Mickala P, Maisels F, Wickings EJ, Anthony NM. 2009. Effects of storage type and time on DNA amplification success in tropical ungulate faeces: technical advances. *Mol. Ecol. Resour.* 9(2):471–79

Soto-Calderón ID, Salazar-Meneses MF, Maldonado ÁM, Mendoza AP, del Valle-Useche C, Ussa-Pérez DA. 2023. *Guía para la colecta de muestras biológicas de especies silvestres para análisis moleculares*. Medellín, Colombia: Univ. Antioquia

Strier KB. 2008. The effects of kin on primate life histories. *Annu. Rev. Anthropol.* 37:21–36

Strier KB, Chaves PB, Mendes SL, Fagundes V, Di Fiore A. 2011. Low paternity skew and the influence of maternal kin in an egalitarian, patrilocal primate. *PNAS* 108(47):18915–19

Strier KB, Possamai CB, Tabacow FP, Pissinatti A, Lanna AM, et al. 2017. Demographic monitoring of wild muriqui populations: criteria for defining priority areas and monitoring intensity. *PLOS ONE* 12(12):e0188922

Taberlet P, Griffin S, Goossens B, Questiau S, Manceau V, et al. 1996. Reliable genotyping of samples with very low DNA quantities using PCR. *Nucleic Acids Res*. 24(16):3189–94

Teixeira JC, Huber CD. 2021. The inflated significance of neutral genetic diversity in conservation genetics. *PNAS* 118(10):e2015096118

Torres-Florez JP, Johnson WE, Nery MF, Eizirik E, Oliveira-Miranda MA, Galetti PM. 2018. The coming of age of conservation genetics in Latin America: what has been achieved and what needs to be done. *Conserv. Genet.* 19(1):1–15

Traylor-Holzer K, Leus K, Bauman K. 2019. Integrated Collection Assessment and Planning (ICAP) workshop: helping zoos move toward the one plan approach. *Zoo Biol.* 38(1):95–105

USDA APHIS (US Dep. Agric. Anim. Plant Health Insp. Serv.). 2021. *Confirmation of COVID-19 in gorillas at a California zoo*. Press Release, USDA APHIS, Riverdale, MD.https://content.govdelivery.com/accounts/USDAAPHIS/bulletins/2b5837f

Van Belle S, Estrada A. 2008. Group size and composition influence male and female reproductive success in black howler monkeys (*Alouatta pigra*). *Am. J. Primatol.* 70(6):613–19

Van Belle S, Estrada A, Strier KB, Di Fiore A. 2012. Genetic structure and kinship patterns in a population of black howler monkeys, *Alouatta pigra*, at Palenque National Park, Mexico. *Am. J. Primatol.* 74(10):948–57

Vigilant L, Roy J, Bradley BJ, Stoneking CJ, Robbins MM, Stoinski TS. 2015. Reproductive competition and inbreeding avoidance in a primate species with habitual female dispersal. *Behav. Ecol. Sociobiol.* 69(7):1163–72

Wasser SK, Wolock CJ, Kuhner MK, Brown JE, Morris C, et al. 2022. Elephant genotypes reveal the size and connectivity of transnational ivory traffickers. *Nat. Hum. Behav.* 6(3):371–82

Westphal D, Mancini AN, Baden AL. 2021. Primate landscape genetics: a review and practical guide. *Evol. Anthropol.* 30(3):171–84

Widdig A. 2007. Paternal kin discrimination: the evidence and likely mechanisms. *Biol. Rev.* 82(2):319–334.

Willoughby JR, Sundaram M, Wijayawardena BK, Kimble SJA, Ji Y, et al. 2015. The reduction of genetic diversity in threatened vertebrates and new recommendations regarding IUCN conservation rankings. *Biol. Conserv.* 191:495–503

Witzenberger KA, Hochkirch A. 2011. Ex situ conservation genetics: a review of molecular studies on the genetic consequences of captive breeding programmes for endangered animal species. *Biodivers. Conserv.* 20(9):1843–61

Xu X, Arnason U. 1996. The mitochondrial DNA molecule of sumatran orangutan and a molecular proposal for two (Bornean and Sumatran) species of orangutan. *J. Mol. Evol.* 43(5):431–37

Yu L, Wang GD, Ruan J, Chen Y-B, Yang CP, et al. 2016. Genomic analysis of snub-nosed monkeys (*Rhinopithecus*) identifies genes and processes related to high-altitude adaptation. *Nat. Genet.* 48(8):947–52

Zachos FE. 2018. Mammals and meaningful taxonomic units: the debate about species concepts and conservation. *Mamm. Rev.* 48(3):153–59

Zhou X, Meng X, Liu Z, Chang J, Wang B, et al. 2016. Population genomics reveals low genetic diversity and adaptation to hypoxia in snub-nosed monkeys. *Mol. Biol. Evol.* 33(10):2670–81

Zhou Y, Tian J, Jiqi LU. 2023. Genetic structure and recent population demographic history of Taihangshan macaque (*Macaca mulatta tcheliensis*), North China. *Integr. Zool.* 18(3):530–42

Zimmerman ME. 2003. The black market for wildlife: combating transnational organized crime in the illegal wildlife trade. *Vanderbilt J. Transnatl. Law* 36(5):1657–90

Zlatanova D. 2015. IUCN guidelines for reintroductions and conservation translocations of species—problems and solutions. In *Proceedings of the First National Conference on the Reintroduction of Conservation-Reliant Species*, pp. 18–29. Sofia, Bulg.: Univ. Press. https://tinyurl.com/IUCNconf

Tabla 1 Muestras de sangre y tejido frente a muestras fecales

|  |  |
| --- | --- |
| Sangre/tejido | Heces |
| Invasivo | No invasivo |
| Costoso y logísticamente complejo  | Oportunista y económico |
| Asignado directamente a un animal específico | La asignación es posible durante el seguimiento, pero si las heces se recogen del suelo o con perros, la identificación individual no es posible |
| Sin inhibidores de la PCR | Presencia de inhibidores de la PCR en el suelo y contenido de la dieta |
| Alta integridad y concentración del ADN | Baja integridad y concentración del ADN; degradación rápida |
| Alto nivel de éxito de la PCR | Poco éxito de la PCR, genotipado propenso a errores |
| Idóneo para los métodos genéticos y genómicos  | Adecuado para secuencias cortas (por ejemplo, STR, COI, CytB, secuenciación Sanger, metagenómica de microbiomas y contenido de la dieta) |

Abreviaturas: CytB: citocromo b; COI: citocromo oxidasa subunidad I; PCR: reacción en cadena de la polimerasa; STR: repeticiones cortas en tándem.

Tabla 2 Comparación de marcadores moleculares y secuenciación de alto rendimiento

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| ADN mitocondrial | Repeticiones cortas en tándem | Secuenciación de alto rendimiento |
| No es necesario conocer previamente la secuencia del genoma | Requiere el aislamiento/la caracterización de secuencias polimórficas en un locus específico | Pueden ser necesarios genomas de referencia para ensamblar y facilitar la resecuenciación |
| Requiere formación para leer y editar datos de secuencias | Permite la identificación individual (huella genética) | Se dispone de chips para especies modelo (por ejemplo, simios y macacos) |
| Métodos de análisis sencillos | Requiere la estandarización entre laboratorios de los tamaños de los alelos | Relativamente pocos experimentos en laboratorio húmedo |
| Adecuado para muestras pequeñas o grandes | Requiere formación para leer e interpretar los perfiles de datos brutos | Requiere conocimientos de bioinformática para limpiar y consolidar los datos |
| Factible con muestras no invasivas | Métodos de análisis sencillos | Rentable para muestras de gran tamaño |
| Alto riesgo de drop-out alélico en muestras con baja cantidad de ADN | No se consigue fácilmente con muestras no invasivas |
| Adecuado para muestras pequeñas o grandes |
| Factible con muestras no invasivas |