

them were reconstructed based on sequences of the mitochondrial gene *cytb* (Lavrenchenko, Verheyen 2006). Discordance between mitochondrial and nuclear phylogenies was showed for some mammals, which can be explained by interspecific hybridization. Performed analyses of phylogenetic relationships within the genus with using both mitochondrial (*cytb*) and nuclear (*Rag 1*, *IRBP*, *Dhcr24-7*, *Wls-7*, *Smo-9* и *Nadsyn1-4*) markers allowed to suggest more complex evolutionary scenario than supposed before. The reconstruction of *Stenocephalemys* evolution assumes combination of the gradient and allopatric speciation and also allochronous processes of the interspecific hybridization. Preliminary analysis of the amino acid sequences of the *cytb* gene allowed us to suggest an adaptive character of the revealed cases of mitochondrial introgression.

This work was supported by the RFBR (Project № 15-04-03801).

Генетическая структура вида кабан европейский в Республике Беларусь

Котова С.А.¹, Рябцева А.О.¹, Кипень В.Н.¹, Журина Н.В.², Ганджа А.И.², Рембала К.³,
Цыбовский И.С.¹

¹ГУ «Научно-практический центр Государственного комитета судебных экспертиз
Республики Беларусь», Минск, Беларусь

²РУП «Научно-практический центр НАН Беларуси по животноводству»,
Жодино, Беларусь

³Гданьский медицинский университет, кафедра судебной медицины, Гданьск, Польша

В популяциях диких кабанов (n=719) и домашних свиней (n=304) проведено изучение двух типов генетического полиморфизма – 20 STR-локусов и 3 сайтов однонуклеотидных замен (SNP-полиморфизм) в генах рецептора меланокортина 1 (*MCR1*) и ядерного рецептора *NR6A1*. Массив образцов диких кабанов сформирован из выборок, полученных из 51 места обитания диких животных (из 51 административного района Беларуси). Массив домашних свиней представлен 6 породами из 8 агропромышленных организаций Беларуси.

Показано, что популяции диких кабанов несут гены домашних свиней. Уровень интрогрессии домашних генов в дикую популяцию составляет $6,8 \pm 0,9\%$ для гена *MCR1* и $1,5 \pm 0,5\%$ для гена *NR6A1*, что значительно меньше, чем у животных из Центральной и Южной Европы.

Полиморфизм 16 STR-локусов в популяциях дикого кабана имеет территориальные особенности. Дикие кабаны не формируют единой популяции: массивы образцов, сформированные на территории 6 административных областей страны, статистически достоверно различаются между собой. Многомерное шкалирование массивов генотипов, сформированных по типу лесных насаждений, по климатическим особенностям (глубине снежного покрова), по пунктам отбора проб и др. также выявляет неоднозначную картину, что может быть отражением антропогенной деформации генетических структур популяций на местах. Частоты встречаемости аллелей у дикого кабана и домашних свиней статистически достоверно различаются. Для судебно-экспертного использования необходимо формировать банки данных частот аллелей отдельно для диких и для домашних животных. Частоты встречаемости аллелей между отдельными породами свиньи домашней также различаются, что может быть использовано для определения породы. Экспериментально доказано, что панель из 16 STR-локусов пригодна для достоверной идентификации образцов дикого кабана и домашней свиньи. При этом показано, что генотипы всех сибсов первого поколения у домашних свиней различаются. Это дает возможность решения задачи о генетическом родстве особей, как диких, так и домашних животных. Экспериментально установлено, что с использованием 16 STR-локусов можно определять принадлежность неизвестного генотипа к массиву генотипов диких или домашних животных. На основе SNP-полиморфизма генов *MCR1* и *NR6A1* также можно дифференцировать биологические образцы по происхождению. С точностью $98,83 \pm 0,33\%$ при заявленном уровне статистической значимости $p < 0,01$ для дифференциации дикого

кабана от домашней свиньи методом ПЦР-ПДРФ достаточно исследования полиморфных вариантов двух сайтов – с.367A>G (ген *MC1R*) и g.299084751_C/T (ген *NR6A1*).

The genetic structure of the wild boar in Republic of Belarus

Kotova S.A.¹, Rabcava A.A.¹, Kipen V.N.¹, Zhurina N.V.², Gandzha A.I.², Rebala K.³,
Tsybovsky I.S.¹

¹*Scientific and Practical Centre of the State Committee of Forensic Examination, Minsk, Belarus*

²*Scientific and Practical Centre of the National Academy of Sciences on Animal Husbandry,
Zhodino, Belarus*

³*Department of Forensic Medicine, Medical University of Gdansk, Gdansk, Poland*

We investigated two types of genetic polymorphism – 20 microsatellite loci and 3 SNP sites – in the genes of melanocortin receptor 1 (*MC1R*) and nuclear receptor *NR6A1* in populations of wild boar (n=719) and domestic pig (n=304). The wild boar specimen set was assembled from selections obtained from 51 sites of natural habitat (51 administrative districts of Belarus). The domestic pig specimen set comprised 6 breeds from 8 agricultural organizations in Belarus. Domestic pig genes were detected in the wild boar populations. The level of introgression of domestic genes in the wild population was $6.8 \pm 0.9\%$ for *MC1R* and $1.5 \pm 0.5\%$ for *NR6A1*, which is significantly less than in animals from central and southern Europe. The polymorphism of 16 STR loci in the wild boar populations was region-specific. Wild boars do not form a single population, with the sample sets obtained from the 6 administrative regions statistically significantly different from each other. Multidimensional scaling of genotype subsets formed according to forest types, climate (snow cover depth), sites of sample collection, etc., produced equivocal results, which may reflect anthropogenic deformation of genetic structures of the local populations.

The allele frequencies in the wild boar and domestic pig were significantly statistically different. Therefore, forensic applications will require separate databases of allele frequencies for wild and domestic animals. The allele frequencies in different domestic pig breeds were also different, which may be used for breed identification. We provide an experimental proof that the panel of 16 STR loci can be used for reliable discrimination between specimens from the wild boar and domestic pig. Moreover, the genotypes of all first-generation sibs of domestic pigs were also different. This opens a possibility to determine paternity testing of both wild and domestic animals. We showed experimentally that the 16 STR loci can be used to assign an unidentified genotype to the pool of wild or domestic animals. Based on SNP polymorphism of the *MC1R* and *NR6A1* genes, it is also possible to differentiate biological specimens according to their origin. Thus, for differentiation between the wild boar and domestic pig using PCR-RFLP with an accuracy of $98.83 \pm 0.33\%$ at the level of statistical significance of $p < 0.01$, it is sufficient to analyze polymorphic variants of two sites, c.367A>G (*MC1R* gene) and g.299084751_C/T (*NR6A1* gene).