



Молекулярно-генетическая идентификация биологических следов диких животных при расследовании дел о незаконной охоте в Республике Беларусь

И.С. Цыбовский, С.А. Котова, Т.В. Забавская, Е.А. Спивак, О.Н. Лукашкова

ГУ «Научно-практический центр Государственного комитета судебных экспертиз Республики Беларусь», Минск 220114, Республика Беларусь

Аннотация. Рассмотрены подходы к молекулярно-генетической идентификации биологических следов диких животных при расследовании дел о незаконной охоте на представителей отряда Парнокопытные – лося, оленя благородного, косулю, дикого кабана, зубра. На основе опыта научных и судебно-экспертных исследований обсуждается обязательность стадии видовой дифференциации следов для их корректной идентификации на уровне особей. Анализируются особенности генотипирования образцов с использованием адресного переноса праймеров от одного вида к другому и применения переноса праймеров в криминалистических исследованиях. Приведены примеры экспертной дифференциации образцов зубра и крупного рогатого скота, дикого кабана и домашней свиньи, а также результаты исследования популяций кабана европейского.

Ключевые слова: идентификация, дифференциация, незаконная охота, дикие животные, микросателлитные маркеры

Для цитирования: Цыбовский И.С., Котова С.А., Забавская Т.В., Спивак Е.А., Лукашкова О.Н. Молекулярно-генетическая идентификация биологических следов диких животных при расследовании дел о незаконной охоте в Республике Беларусь // Теория и практика судебной экспертизы. 2018. Том 13. № 4. С. 116–123. <https://doi.org/10.30764/1819-2785-2018-13-4-116-123>

DNA Identification of Biological Traces in Forensic Casework for Investigation of Illegal Hunting in Belarus

Iosif S. Tsybovsky, Svetlana A. Kotova, Tatyana V. Zabavskaya, Elena A. Spivak, Olga N. Lukashkova

State Institution «Scientific and Practical Center of the State Forensic Examination Committee of the Republic of Belarus», Minsk 220114, Republic of Belarus

Abstract. The article discusses molecular genetic identification of biological traces of wild animals used in forensic casework of illegal hunting of representatives of the order *Artiodactyla* – moose, red deer, roe deer, wild boar, and European bison. The question of species identification as an essential stage for correct individual identification is discussed taking into account previous scientific and forensic studies. The paper also describes the modern method of species identification consisting of cross-species locus amplification, as well as primer cross-species transfer application in forensic research. Additionally examples of wild boar vs. domestic pig and European bison vs. cattle samples differentiation as well as results of the study of genetic diversity in the European wild boar population are given.

Keywords: identification, differentiation, illegal hunting, wild animals, microsatellite markers

For citation: Tsybovsky I.S., Kotova S.A., Zabavskaya T.V., Spivak E.A., Lukashkova O.N. DNA Identification of Biological Traces in Forensic Casework for Investigation of Illegal Hunting in Belarus. *Theory and Practice of Forensic Science*. 2018. Vol. 13. No. 4. P. 116–123. (In Russ.). <https://doi.org/10.30764/1819-2785-2018-13-4-116-123>

Правонарушения в отношении объектов дикой природы (в частности, незаконная охота) наносят ущерб экономическим интересам государства и могут быть причиной возникновения проблем экологического характера, поскольку приводят к некон-

тролируемым изменениям в естественных биоценозах. Незаконная охота на редких и находящихся под угрозой исчезновения животных обесценивает усилия специалистов и государств в целом по сохранению особо ценных и редких видов. Не может

не вызывать удивление, что при всеобщей информированности о зубре как особо охраняемом виде в Беларуси факты незаконного отстрела зубров имеют место и в настоящее время. Например, в 2012 году браконьерами были отстрелены пять особей животных: три в Воложинском районе и два (один тяжело ранен) в Хойникском районе Республики Беларусь.

Данные факты убедительно свидетельствуют, что только профилактических мер для обеспечения сохранности редких видов животных недостаточно. Законодательствами всех стран предусмотрен порядок наказания правонарушителей и разработаны системы компенсации материального ущерба, однако для их реализации необходимы убедительные и достоверные доказательства факта правонарушения.

Как правило, преступления против дикой фауны являются наиболее малочисленной группой среди правонарушений экологической направленности [1, 2]. Например, в Республике Беларусь в 2012 году было зарегистрировано 261 преступление по ст. 282 УК РБ «Незаконная охота». Из них в результате действий правоохранительных органов только в 117 делах были установлены подозреваемые лица (44,8 %) и лишь 28 % случаев были полностью доказаны, что позволило обосновать обвинительный приговор в суде.

Высокий уровень латентности данного вида преступлений вполне понятен: сам образ жизни дикого животного предполагает максимальную скрытность и осторожность. Несомненно, играют роль и совершенствование материально-технического оснащения лиц, промысляющих незаконной охотой (транспорт, мобильная связь и т. п.), рост уровня адвокатского сопровождения таких дел в судах и др. Тем не менее основной первопричиной низкой эффективности расследования дел о незаконной охоте, на наш взгляд, является недостаточность экспертного обеспечения дел данного рода, несоответствие экспертных технологий современным требованиям. Правоохранительные органы для расследования преступлений против дикой природы нуждаются в принципиально новой доказательственной информации, полученной новыми экспертными средствами исследования вещественных доказательств, до сих пор не задействованными или мало задействованными в расследовании.

Составляющие реальной системы преступления, а также функционирующие в ней системообразующие связи отражаются в объективно существующей материальной структуре преступления. Полное представление всей материальной структуры преступления позволяет определить все информативные возможности каждого имеющегося на месте происшествия следа, объекта, взаимосвязей между ними [3]. Информация подобного рода содержится в многочисленных объектах, присутствующих на разных этапах правонарушения. В основном это пятна и мазки крови, мышечные ткани и другие биологические следы на местах отстрела, на инструментах и т. п. Как правило, они не имеют выраженных морфологических или физиологических характеристик; детальная информация для конкретизации каждого такого объекта может быть получена только в результате молекулярно-генетического исследования особенностей ДНК-маркеров. Биологические следы, обнаруженные на месте отстрела животного, на месте разделки туши, на орудиях убийства или орудиях разделки, на транспортных средствах, использованных для перемещения туши, на поверхности одежды и обуви участников охоты (или разделки), а также в местах хранения мясопродуктов, в случае доказательства их происхождения от одной и той же особи животного, дают информацию, позволяющую восполнить существенную часть недостающих сведений о материальной структуре преступления – незаконной охоте.

ДНК-анализ биологических следов диких животных является существенно более сложным экспертным направлением, чем ДНК-анализ биологических следов человека. В Научно-практическом центре Государственного комитета судебных экспертиз Республики Беларусь подходы к ДНК-идентификации объектов незаконной охоты разрабатывались в ходе проведения научно-исследовательских работ с учетом их соответствия традиционным технологиям и оборудованию молекулярно-генетических лабораторий. Объектами исследования были представители отряда Парнокопытные, которые являются основными объектами незаконной охоты: из семейства Оленевые – лось (*Alces alces*), олень благородный (*Cervus elaphus*), косуля европейская (*Capreolus capreolus*); из семейства Свиные – кабан европейский (*Sus scrofa scrofa*). К этому же отряду относится

и особо охраняемый вид – зубр европейский (*Bison bonasus*). Эффективность технологий была апробирована в ходе решения экспертных задач различного уровня при производстве экспертиз по поручениям правоохранительных органов по фактам незаконной охоты.

Принципиальной генетической особенностью всех представителей отряда Парнокопытные является их филогенетическое родство. Филогения – эволюция вида, рода (и т. д.), их развитие в ряду последовательных поколений со времени образования [4]. Филогенетическое родство подразумевает существование общего предка, что в свою очередь предполагает обязательное наличие общности ряда признаков, включая генетическое сходство, выраженное в той или иной степени. Ситуация с точки зрения практикующего эксперта осложняется тем, что к отряду Парнокопытные относится большинство сельскохозяйственных животных (бык, коза, овца, свинья и др.).

Вторым принципиальным отличием от ДНК-анализа следов человеческого происхождения, вытекающим из филогенетического родства видов, является необходимость учета особенностей проявления феномена адресной перекрестной амплификации (cross-species amplification). Адресная перекрестная амплификация базируется на существовании консервативных праймер-связывающих участков генов, имеющих схожие последовательности у близкородственных видов [5].

С одной стороны, перекрестная амплификация может быть эффективным подходом к исследованию широкой группы родственных видов, для которых отсутствуют детальные сведения о структуре геномов, поскольку делает возможным перенос праймеров от вида-источника (вида, для которого микросателлитный маркер был изначально разработан) к целевому виду (виду, на котором апробируется указанный маркер). «Собственные» ДНК-маркеры известны для крупного рогатого скота, овцы, свиньи и некоторых видов оленей. С другой стороны, при переносе праймеров нередко наблюдается смена статуса STR-локусов с полиморфного у видов-источников на мономорфный или неамплифицируемый у целевых видов. Может также изменяться диапазон молекулярных размеров ПЦР-продуктов [6].

В практической работе адресная перекрестная амплификация позволяет ис-

пользовать праймеры, разработанные, например, для генотипирования крупного рогатого скота (локусы ETH225, TGLA126), оленя благородного (T26, T268), северного оленя (RT24, RT30), для исследования генетического полиморфизма лося или других видов, геномы которых не изучены. Однако при генотипировании неизвестного образца перекрестная амплификация становится источником ошибок, поскольку на матрицах ДНК других родственных видов могут быть получены принципиально различающиеся результаты. По нашим данным, locus RT5 северного оленя, полиморфный у лося (4 аллеля), становится мономорфным (одинаковым у всех особей) у оленя благородного и вовсе не амплифицируется у косули. Неверная оценка выявленных генетических признаков (аллелей) станет источником экспертной ошибки.

Таким образом, обязательной стадией экспертного генотипирования ДНК диких животных становится решение дополнительных классификационных задач по принадлежности образца к виду животного или дифференциации по принадлежности к дикому или домашнему животному. В проекции на ДНК-анализ следов человеческого происхождения аналогичная ситуация наблюдалась бы при условии свободного существования в лесах высших приматов.

В Научно-практическом центре Государственного комитета судебных экспертиз Республики Беларусь, в том числе на основе собственных научных и экспертных исследований, разработаны экспериментальные подходы для решения экспертных задач различных уровней:

- 1) идентификации вида животного (лось, олень, косуля, дикий кабан, зубр);
- 2) идентификации конкретной особи животного;
- 3) установления половой принадлежности животного;
- 4) дифференциации по принадлежности к дикому или домашнему животному (например, кабан дикий или свинья домашняя).

Идентификация вида животного отряда Парнокопытные

Молекулярно-генетическая идентификация вида животного, от которого произошли пятна крови или другие биологические следы, крайне важна в практической экспертной работе. Обобщение экспертной практики показало, что на личных вещах лиц, подозреваемых в незаконной охоте, других ве-

ществленных доказательствах, собранных по фактам незаконной охоты, в большинстве случаев выявляются следы крови, волосы и др., происходящие от различных видов животных. Нередко они образуют смешанные наслоения, анализ которых требует высокого уровня профессионализма исследователя.

Для видовой идентификации образцов представителей отряда Парнокопытные разработана методика, основанная на исследовании полиморфизма микросателлитных локусов ядерной ДНК. Она может быть реализована на стандартном лабораторном оборудовании, предназначенном для проведения ДНК-анализа, и охватывает полный круг задач, решаемых при установлении происхождения биологического образца от видов отряда Парнокопытные, обитающих или содержащихся на территории Республики Беларусь независимо от того, дикие это животные или сельскохозяйственные.

Методика базируется на феномене адресной перекрестной амплификации, для чего разработана тест-система, которая включает 3 STR-локуса крупного рогатого скота, 2 локуса североамериканского оленя, 2 локуса северного оленя карибу, 1 локус овцы, 1 локус свиньи домашней. Тест-система предназначена для видовой ДНК-идентификации биологических образцов диких животных семейства Оленевые (лося, оленя, косули, лани) и дифференциации представителей этого семейства от других парнокопытных (домашнего скота – быка, овцы, козы, свиньи; диких – зубра и кабана). Тест-система состоит из 2 наборов по 6 локусов в каждом. Один из наборов предназначен для установления видовой принадлежности образцов лося, оленя, косули, лани, зубра, крупного рогатого скота. Если при использовании данного набора результат не получен, проводится генотипирование образца с набором № 2, результаты которого позволяют установить принадлежность образца овце, козе или дикому кабана / домашней свинье.

Принадлежность исследуемого образца определенному виду животного (видовая идентификация) устанавливается по совокупности качественных и количественных параметров продуктов ПЦР. К качественным параметрам относятся: невыявление фрагмента, мономорфное выявление фрагмента, полиморфное выявление фрагментов ДНК. Количественными параметрами явля-

ются молекулярные размеры фрагментов (фрагмента), выраженные в парах нуклеотидов.

По результатам данной научной разработки в Евразийское патентное ведомство подана заявка на получение патента¹. «Методика видовой ПЦР-идентификации диких животных семейства Оленевые и их дифференциации от других парнокопытных семейств Полорогие и Свиньи» апробирована на практике и включена в Реестр судебно-экспертных методик и иных методических материалов Государственного комитета судебных экспертиз Республики Беларусь [7].

Идентификация конкретной особи животного

Идентификация особи и ее биологических следов проводится в отношении образцов, происхождение которых заведомо известно, или после установления видовой принадлежности образца.

При исследовании биологических следов кабана европейского первоочередной задачей становится дифференциация образцов по происхождению от дикого кабана или домашней свиньи, поскольку установление самого факта совершения правонарушения будет напрямую зависеть от результата решения данной экспертной задачи. Идентификация биологических образцов кабана европейского основана на использовании локусов, специфичных к ДНК свиньи домашней. В ходе исследований 20 микросателлитов у дикого кабана (719 образцов) и домашней свиньи (304 образца, 6 пород) было показано, что для большинства локусов (16 из 20) уровни полиморфизма у домашних и диких свиней сопоставимы [8]. Для 4 локусов наблюдалось «асимметричное» проявление: у домашних свиней выявлялось полиморфное распределение аллелей, в то время как у дикого кабана данные 4 локуса были практически мономорфными. При этом показано, что 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 домашних животных.

¹ Способ и тест-система для видовой идентификации оленевых и их дифференциации от других парнокопытных. Евразийское патентное ведомство. URL: www.eapatis.com/Data/EATXT/eaopo2017/PDF/201600045.pdf

Частоты встречаемости аллелей у отдельных пород свиньи домашней также различаются, что может быть использовано для определения породы. На примере свиньи домашней показано, что генотипы всех sibсов первого поколения в 7 семейных группах различаются. Это дает возможность решения задачи о генетическом родстве особей как диких животных, так и домашних.

Установлено также, что популяции дикого кабана все же не имеют выраженных региональных особенностей, вопреки итогам предварительных исследований [8]. Вид образует единую популяцию, выборки из разных районов статистически достоверно не различаются. Последнее означает, что адекватный расчет уровня достоверности экспертного вывода об идентификации образца может базироваться на научных данных о генетических характеристиках совокупной популяции дикого кабана.

Методика ДНК-идентификации биологических образцов животных вида кабан европейский (диких и домашних) включена в Реестр судебно-экспертных методик [9], разработано также информационно-справочное обеспечение в виде баз данных и программного средства для расчета уровня достоверности экспертного вывода.

Для идентификации особей видов семейства Оленевые подобраны панели микросателлитных ДНК-маркеров и проведено исследование особенностей полиморфизма отдельных локусов и региональных популяций. Для генотипирования особей вида олень благородный задействованы 15 локусов, описанных для североамериканских (*Cervus elaphus canadensis*) и муловых или чернохвостых (*Odocoileus hemionus*) оленей, а также крупного рогатого скота. Исследование популяционных выборок оленя завершено, методика ДНК-идентификации биологических образцов животных вида олень благородный (*Cervus elaphus*) проходит апробацию, включение данной методики в Реестр судебно-экспертных методик предусмотрено в текущем году.

Панели локусов для генотипирования особей лося (18 ДНК-маркеров) и косули (14 ДНК-маркеров) включают праймеры, специфичные к ДНК овцы, северного оленя, североамериканского оленя и крупного рогатого скота. Исследование популяционных выборок и разработка методик судебно-экспертной идентификации образцов

данных видов включены в планы работ текущего года.

Идентификация зубра и его дифференциация от крупного рогатого скота

Экспертное исследование образцов зубра представляет для специалистов особую проблему, обусловленную крайне низким уровнем внутривидового полиморфизма. Восстановление вида на основе единичных особей, изъятых из зоопарков, привело к тому, что в конечном итоге все они являются биологическими родственниками. Например, если рассматривать строение D-петли митохондриальной ДНК из мирового ресурса GenBank², то у двух сотен зубров отмечается полное совпадение гаплотипа. Данная особенность (отсутствие внутривидового полиморфизма) была использована нами в качестве видового генетического маркера при определении происхождения неизвестного образца от зубра, крупного рогатого скота или других представителей отряда Парнокопытные. Напротив, секвенирование D-петли митохондриальной ДНК быка, лося и косули выявило высокий уровень внутривидового полиморфизма у всех трех видов.

Для определения видовой принадлежности неизвестного образца «экспертный гаплотип» был использован для поиска совпадающих последовательностей в GenBank. По результатам поиска было выявлено 10 последовательностей, имеющих 100%-ную идентичность с искомой, и 3 последовательности, имеющих 98–99%-ную идентичность. Все они принадлежали зубру европейскому. Остальные результаты поиска включали последовательности яка – 88 % идентичности, быка и зебу – 87 % идентичности.

С использованием on-line средства BLAST (Basic Local Alignment Search Tool)² было построено дерево филогенетических отношений «экспертного гаплотипа» и наиболее идентичных ему гаплотипов. На полученном филогенетическом дереве искомый гаплотип группировался вместе с гаплотипами зубра и дистанцировался от гаплотипов яка, быка и зебу. На основании проведенного исследования был сделан вывод о происхождении неизвестного образца от зубра европейского³.

² www.ncbi.nlm.nih.gov

³ Описанный подход был также успешно реализован в экспертной и научной работе при видовой идентификации образцов, происходящих от гиеновидной собаки и шакала.

Задача идентификации отдельных особей зубра может быть проведена только в ряду представленных на исследование образцов: STR-полиморфизм зубра ограниченный и вероятность совпадения генотипов у двух различных особей очень высока.

Дифференциация образцов кабана европейского и свиньи домашней

Для установления происхождения образцов от дикого кабана или домашней свиньи требуется отдельная методика. Для экспертного решения задачи методом ПЦР-ПДРФ было проведено исследование полиморфизма гена меланокортинового рецептора *MC1R* (2 полиморфных сайта) и гена ядерного рецептора *NR6A1* (1 полиморфный сайт) [10]. Установлено, что для гена *MC1R* гибриды дикого кабана и домашней свиньи среди свободно живущих на территории Беларуси кабанов составляют $6,8 \pm 0,9$ % популяции. Уровень интрогрессии домашних генов *NR6A1* в дику популяцию составляет $1,5 \pm 0,5$ %.

Показано, что на основе проведенного изучения SNP-полиморфизма генов *MCR1* и *NR6A1* 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*). Методика установления принадлежности биологических образцов диким или домашним представителям вида кабан европейский методом ПЦР-ПДРФ включена в Реестр судебно-экспертных методик [11].

Показано также, что принадлежность неизвестного генотипа к массиву диких или домашних животных можно устанавливать с использованием STR-профиля. Необходимым условием при этом является наличие баз данных. Для автоматизации вероятностных расчетов экспертного вывода разработано программное средство на основе MS Excel, содержащее функцию идентификации биологических образцов животных вида кабан европейский (свиньи домашней) и функцию их дифференциации по происхождению от диких или домашних животных данного вида на основе STR-профиля образца.

Таким образом, проведенные в Научно-практическом центре Государственного

комитета судебных экспертиз Республики Беларусь исследования стали основой создания методического инструментария для решения экспертных задач различного уровня на основе STR-маркеров, что позволяет осуществлять производство экспертиз с использованием универсальных подходов и общепринятого для молекулярно-генетических лабораторий оборудования.

При этом ДНК-анализ образцов животного происхождения остается сложной проблемой и требует высокого профессионализма. Отсутствие специализированных тест-систем и высокий уровень вариабельности популяций, обитающих в различных регионах Европы, составляют одну сторону проблемы. Другая сторона заключена в самой физической природе локусов и ПЦР-технологий. Значительная часть используемых для генотипирования животных ДНК-маркеров имеет динуклеотидную природу, а значит и свойственный данному типу ДНК-маркеров высокий уровень образования «статтер»-продуктов и неконтролируемый процесс дополнительного аденилирования амплифицированных фрагментов ДНК. Вариабельность качества «криминалистических» ДНК влияет на условия протекания ПЦР, что может проявляться как в изменении интенсивности амплификации тех или иных локусов от одного образца к другому, так и в различной степени ингибирования ПЦР. К тому же часть исследуемых образцов могла нести смеси ДНК различных, в том числе генетически родственных, видов животных.

Вместе с тем высокий уровень востребованности данного рода экспертиз в правоохранительной сфере на сегодняшний день неоспорим. В Научно-практическом центре Государственного комитета судебных экспертиз Республики Беларусь проведено около 300 экспертиз, в ходе которых исследовались образцы лося, оленя, косули, дикого кабана, зубра, медведя, бобра, собаки, гиеновидной собаки, лисы, быка, лошади, овцы, свиньи. Ряд постановлений о назначении экспертиз уже включает вопросы в отношении дериватов – технологически переработанных мясо-продуктов из диких животных (колбаса, тушенка и др.). Для экспертного исследования такого рода вещественных доказательств потребуются специальные методики, учитывающие специфику именно этих объектов.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Цыбовский И.С., Котова С.А., Бородич А.В. Новые экспертные технологии для экспертного сопровождения уголовных и административных дел о незаконной охоте в Республике Беларусь // Вопросы криминологии, криминалистики и судебной экспертизы. 2013. № 2 (34). С. 112–117.
2. Гулевская В.В. Актуальность формирования, предмет, объекты и задачи судебной экспертизы дикой флоры и фауны // Теория и практика судебной экспертизы. 2015. № 3 (39). С. 10–16.
3. Гучок А.Е. Основы криминалистического учения о материальной структуре преступления. Минск: Тесей, 2012. 228 с.
4. Картель Н.А., Макеева Е.Н., Мезенко А.М. Генетика. Энциклопедический словарь. Минск: Тэхналогія, 1999. 446 с.
5. Sun H.S., Kirkpatrick B.W. Exploiting dinucleotide microsatellites conserved among mammalian species // Mammalian Genome. 1996. Vol. 7. P. 128–132.
6. Koskinen M.T., Primmer C.R. Cross-species amplification of salmonid microsatellites, which reveal polymorphism in European and Arctic grayling, Salmonidae: *Thymallus* spp. // Hereditas. 1999. Vol. 131. P. 171–176.
7. Котова С.А., Спивак Е.А., Рыбакова В.И., Рябцева А.О., Цыбовский И.С. Методика видовой ПЦР-идентификации диких животных семейства Оленевые и их дифференциации от других парнокопытных семейств Полорогие и Свиньи / Под ред. И.С. Цыбовского. Минск: Право и экономика, 2016. 32 с.
8. Rebala K., Rabtsava A.A., Kotova S.A., Kipen V.N., Zhurina N.V., Gandzha A.I., Tsybovsky I.S. STR Profiling for Discrimination between Wild and Domestic Swine Specimens and between Main Breeds of Domestic Pigs Reared in Belarus // PLoS ONE. 2016. 11 (11). e0166563. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0166563>
9. Котова С.А., Рябцева А.О., Спивак Е.А., Цыбовский И.С. Методика ДНК-идентификации биологических образцов животных вида Кабан европейский (диких и домашних) / Под ред. И.С. Цыбовского. Минск: Право и экономика, 2017. 30 с.
10. Fontanesi L., Ribani A., Scotti E., Utzeri V.J., Veličkovi N., Dall'Olio S. Differentiation of meat from European wild boars and domestic pigs using polymorphisms in the MC1R and NR6A1 genes // Meat Science. 2014. Vol. 98. No. 4. P. 781–784.
11. Котова С.А., Кипень В.Н., Рябцева А.О., Цыбовский И.С. Методика установления принадлежности биологических образцов к диким или домашним представителям вида Кабан европейский методом ПЦР-ПДРФ / Под ред. И.С. Цыбовского. Минск: Право и экономика, 2017. 22 с.

REFERENCES

1. Tsybovskii I.S., Kotova S.A., Borodich A.V. New forensic technologies for expert assistance in criminal and administrative investigations of illegal hunting in the Republic of Belarus. *Issues of criminology, criminalistics and forensic science = Voprosy kriminologii, kriminalistiki i sudebnoi ekspertizy*. 2013. No. 2 (34). P. 112–117. (In Russ.)
2. Gulevskaya V.V. The current relevance of advancing wildlife forensics, its subject, objects and objectives. *Theory and Practice of Forensic Science*. 2015. No. 3 (39). P. 10–16. (In Russ.)
3. Guchok A.E. *Foundations in the forensic theory of the physical structure of a crime*. Minsk: Tesei, 2012. 228 p. (In Russ.)
4. Kartel' N.A., Makeeva E.N., Mezenko A.M. *Genetics. Encyclopedic dictionary*. Minsk: Tekhnalogiya, 1999. 446 p. (In Russ.)
5. Sun H.S., Kirkpatrick B.W. Exploiting dinucleotide microsatellites conserved among mammalian species. *Mammalian Genome*. 1996. Vol. 7. P. 128–132.
6. Koskinen M.T., Primmer C.R. Cross-species amplification of salmonid microsatellites, which reveal polymorphism in European and Arctic grayling, Salmonidae: *Thymallus* spp. *Hereditas*. 1999. Vol. 131. P. 171–176.
7. Kotova S.A., Spivak E.A., Rybakova V.I., Ryabtseva A.O., Tsybovskii I.S. *Methodology for PCR species identification of wild animals of the family Cervidae and their differentiation from other even-toed ungulates of the families Bovidae and Suidae*. Minsk: Pravo i ekonomika, 2016. 32 p. (In Russ.)
8. Rebala K., Rabtsava A.A., Kotova S.A., Kipen V.N., Zhurina N.V., Gandzha A.I., Tsybovsky I.S. STR Profiling for Discrimination between Wild and Domestic Swine Specimens and between Main Breeds of Domestic Pigs Reared in Belarus. *PLoS ONE*. 2016. 11 (11). e0166563. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0166563>
9. Kotova S.A., Ryabtseva A.O., Spivak E.A., Tsybovskii I.S. *Methodology for DNA identification of biological samples from specimens of *Sus scrofa* (wild and domestic pig)*. Minsk: Pravo i ekonomika, 2017. 30 p. (In Russ.)
10. Fontanesi L., Ribani A., Scotti E., Utzeri V.J., Veličkovi N., Dall'Olio S. Differentiation of meat from European wild boars and domestic pigs using polymorphisms in the MC1R and NR6A1 genes. *Meat Science*. 2014. Vol. 98. No. 4. P. 781–784.
11. Kotova S.A., Kipen' V.N., Ryabtseva A.O., Tsybovskii I.S. *Methodology for differentiation between the European wild boar and domestic pig using PCR-RFLP analysis of biological samples*. Minsk: Pravo i ekonomika, 2017. 22 p. (In Russ.)

ИНФОРМАЦИЯ ОБ АВТОРАХ

Цыбовский Иосиф Станиславович – к. б. н., ученый секретарь Научно-практического центра Государственного комитета судебных экспертиз Республики Беларусь; e-mail: tsybovsky@yahoo.com

Котова Светлана Александровна – к. х. н., заведующий лабораторией молекулярно-биологических исследований Научно-практического центра Государственного комитета судебных экспертиз Республики Беларусь; e-mail: npc@sudexpertiza.by

Забавская Татьяна Викторовна, Спивак Елена Александровна, Лукашкова Ольга Николаевна – научные сотрудники лаборатории молекулярно-биологических исследований Научно-практического центра Государственного комитета судебных экспертиз Республики Беларусь; e-mail: npc@sudexpertiza.by

ABOUT THE AUTHORS

Tsybovsky Iosif Stanislavovich – Candidate of Biology, Academic Secretary of the Scientific and Practical Center of the State Forensic Examination Committee of the Republic of Belarus; e-mail: tsybovsky@yahoo.com

Kotova Svetlana Aleksandrovna – Candidate of Chemistry, Head of the Laboratory of Molecular Biology, Scientific and Practical Center of the State Forensic Examination Committee of the Republic of Belarus; e-mail: npc@sudexpertiza.by

Zabavskaya Tatyana Viktorovna, Spivak Elena Aleksandrovna, Lukashkova Olga Nikolaevna – Research Associates of the Laboratory of Molecular Biology, Scientific and Practical Center of the State Forensic Examination Committee of the Republic of Belarus; e-mail: npc@sudexpertiza.by

Статья поступила 23.05.2018

Received 23.05.2018