

ISSN 1029-8940 (Print)

ISSN 2524-230X (Online)

УДК 599.735.31:[591.9+575.17.04](476)

<https://doi.org/10.29235/1029-8940-2025-70-1-40-47>

Поступила в редакцию 29.07.2024

Received 29.07.2024

А. А. Волнистый<sup>1</sup>, К. В. Гомель<sup>1</sup>, Г. В. Сергеев<sup>2</sup>, М. Е. Никифоров<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Научно-практический центр НАН Беларуси по биоресурсам, Минск, Республика Беларусь

<sup>2</sup> Институт биоорганической химии НАН Беларуси, Минск, Республика Беларусь

## ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА РАЗВОДИМОЙ ГРУППИРОВКИ ОЛЕНЕЙ И ОЦЕНКА ПОТОКА ГЕНОВ ИЗ НЕЕ В ПРИРОДНЫЕ ПОПУЛЯЦИИ

**Аннотация.** В исследовании приводятся результаты молекулярно-генетического анализа искусственной группировки оленей хозяйства «Сибирское подворье» на основании полиморфизма митохондриального контрольного региона и микросателлитных локусов ядерного генома, направленного на определение видовой принадлежности и происхождения, а также оценка наличия потока генов в дикую метапопуляцию благородного оленя *Cervus elaphus* посредством случайных побегов.

В результате проведенного молекулярно-генетического анализа определена принадлежность особей из искусственной популяционной группы оленей к виду *Cervus canadensis sibiricus*, или алтайский вапити. Полученные показатели генетического разнообразия в хозяйственной популяционной группе характеризовались как средние, типичные для популяций схожих размеров и состояния. Анализ митохондриальных последовательностей из белорусской метапопуляции благородного оленя ( $n = 36$ ) не показал присутствия митохондриальных гаплотипов алтайского вапити. Также не было выявлено значительного потока генов из вольерной популяции оленей на ферме «Сибирское подворье». При этом обнаружены признаки одиночных событий гибридизации между благородными оленями и вапити, что требует повышенного внимания к разводимым в неволе близкородственным формам оленей в целях предотвращения гибридной интрогрессии адвентивных видов в дикую популяцию благородного оленя Беларуси.

**Ключевые слова:** благородный олень, алтайский вапити, гибридизация, поток генов

**Для цитирования:** Генетическая характеристика разводимой группировки оленей и оценка потока генов из нее в природные популяции / А. А. Волнистый, К. В. Гомель, Г. В. Сергеев, М. Е. Никифоров // Весті Нацыянальнай акадэміі навук Беларусі. Сeryя біялагічных навук. – 2025. – Т. 70, № 1. – С. 40–47. <https://doi.org/10.29235/1029-8940-2025-70-1-40-47>

Arseni A. Valnisty<sup>1</sup>, Kanstantsin V. Homel<sup>1</sup>, Gennady V. Sergeev<sup>2</sup>, Mikhail E. Nikiforov<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Scientific and Practical Center of the National Academy of Sciences of Belarus on Bioresources, Minsk, Republic of Belarus

<sup>2</sup>Institute of Bioorganic Chemistry of the National Academy of Sciences of Belarus, Minsk, Republic of Belarus

## GENETIC CHARACTERISTICS OF THE BRED GROUP OF DEER AND ASSESSMENT OF GENE FLOW FROM IT TO NATURAL POPULATIONS

**Abstract.** Here we present the results of genetic analysis of an artificial deer population, inhabiting an enclosed territory near Lida. The analysis was aimed at determining the precise origins and genetic characteristics of the population and discovering presence of any gene flow between the artificial population and the wild deer of the region. We employed mitochondrial control region haplotypes analysis to identify origins and possible matrilineal hybrids, and hybrid classification of migration analysis based on microsatellite data to discover hybrid specimens and gene flow, respectively. We have determined that the artificial population in question belongs to the species *Cervus canadensis sibiricus*, or Altai wapiti, originates in the South Altai region, and possesses mediocre genetic diversity as can be expected from a population of this size. While singular results of hybrid analysis seem to indicate a possibility of rare interbreeding between escaped wapiti and wild deer, there are no indicators of any substantial gene flow from the artificial population into the wild, but we believe that it still warrants additional attention in order to prevent undesirable introgression.

**Keywords:** game species, ungulates, hybridization, gene flow

**For citation:** Valnisty A. A., Homel K. V., Sergeev G. V., Nikiforov M. E. Genetic characteristics of the bred group of deer and assessment of gene flow from it to natural populations. *Vesti Natsyynal'nai akademii navuk Belarusi. Seryya biyalagichnykh navuk* = *Proceedings of the National Academy of Sciences of Belarus. Biological series*, 2025, vol. 70, no. 1, pp. 40–47 (in Russian). <https://doi.org/10.29235/1029-8940-2025-70-1-40-47>

**Введение.** Парнокопытные (Artiodactyla) составляют большую часть населения крупных млекопитающих в природных местообитаниях Беларуси. Благородный олень (*Cervus elaphus*), европейская косуля (*Capreolus capreolus*) и европейский лось (*Alces alces*) относятся к значимым видам как для сохранения лесных экосистем, так и для охотничьего хозяйства Беларуси [1, 2].

К началу XX в. популяция благородного оленя резко сократилась. Длительная и кропотливая работа по восстановлению численности животных продолжалась вплоть до 2020-х гг. [3]. Параллельно с этим на территории Беларуси создавались коммерческие предприятия, на которых разводили животных адвентивных видов, в том числе и других оленьих (например, маралов). Алтайский вапити был завезен в Беларусь в 2016 г. для вольерного разведения в хозяйстве «Сибирское Подворье» в Лидском р-не Гродненской обл. Присутствие хозяйственной популяции на территории республики представляет определенный интерес в плане потенциального потока генов из искусственной популяции посредством побега особей. Это может иметь ряд последствий для экосистемы, в числе которых неконтролируемая инвазия и интрогрессивная гибридизация с дикой популяцией благородного оленя [4–6]. Настоящая работа посвящена изучению вольерной популяции алтайского вапити, определению ее происхождения, оценке генетических характеристик и выявлению потока генов из этой популяции в дикую среду.

**Материалы и методы исследования.** Эксперимент основывался на статистическом анализе вариабельности длины микросателлитных фрагментов и нуклеотидных последовательностей митохондриального маркера контрольного региона в геномах обширной выборки благородного оленя, добытого на территории Беларуси, и оленей из искусственной популяции мараловодческой фермы «Сибирское подворье». Образцы тканей животных использовались для изоляции ДНК с последующей амплификацией микросателлитных локусов посредством мультиплексных реакций и автоматизированным определением размера полученных фрагментов, а также секвенированием митохондриальных нуклеотидных последовательностей. Данные митохондриального анализа затем применялись для определения происхождения популяций, а данные микросателлитного анализа – для определения характеристик генетического разнообразия и потока генов между популяциями.

В ходе исследования были сформированы экспериментальные выборки генетического материала оленей от индивидуальных особей: 169 образцов, включающих тестовую выборку в 10 образцов животных из вольерной популяции фермы «Сибирское подворье» и рабочую выборку в 159 образцов благородного оленя *Cervus elaphus*. Такого количества достаточно, чтобы выявить большинство возможных популяционных групп и определить гибридизацию между популяциями, представленными в выборках [7]. Материалом для выделения ДНК выступили ткани мышц и пантов. В анализ были включены как самцы, так и самки произвольного возраста. В выборку не входили особи из различных перекрывающихся поколений, собранные на одной локации. Образцы были добыты в период с 2018 по 2023 г. и депонированы в генетический банк Научно-практического центра НАН Беларуси по биоресурсам, где они сохранялись в криогенных условиях [8].

Подробные методики изоляции ДНК, амплификации микросателлитных локусов и митохондриального маркера указаны в [9] и [10] соответственно.

Определение матрилинейного происхождения особей по генетическим линиям на основе последовательностей митохондриального маркера осуществлялось по методам филогенетического анализа, подробно описанным ранее [10]. Миграционный анализ осуществлялся на основании данных полиморфизма микросателлитных фрагментов, сгруппированных по географическим популяционным группам. Для анализа использовался метод направленной генетической дифференциации, предложенный L. Sundqvist с соавт. [11], реализованный в виде набора функций `divMigrate` для пакета `diveRsity` [12] в R с использованием показателя Tajima's D. Для миграционного анализа применялась выборка особей смежных регионов с искусственной популяцией оленей с конечным размером в 73 особи.

Выявление гибридов на основании данных размеров микросателлитных фрагментов осуществлялось посредством программы `NewHybrids` [13] с параметрами использования априорных величин по умолчанию и 150 000 итераций Марковской цепи Монте-Карло (MCMC), с демеморализацией первых 50 000 итераций. При этом для анализа использовались только 7 микросателлитных локусов, продемонстрировавших наибольшую дифференциацию по параметру  $F_{st}$  (0,08–0,43,  $p < 0,05$ ) между чистыми благородными оленями и животными из искусственной популяции оленей фермы «Сибирское подворье» согласно анализу молекулярной вариабельности

в программе Arlequin 3.5 [14]; Haut14, T193, VM1818, T156, VM4208, IOBT965, TGLA57 [15]. В рамках выявления гибридизации особи из дикой популяции благородного оленя центрально-белорусской локализации ( $n = 57$ ) и особи из исследуемой хозяйственной популяции оленей ( $n = 10$ ) были априори обозначены как две чистые группы на основании результатов прошлых исследований [9, 10], тогда как анализируемая выборка составила 102 особи благородного оленя.

**Результаты.** Филогенетический анализ последовательностей митохондриального контрольного региона из выборки оленей фермы «Сибирское подворье» показал, что эти особи достоверно принадлежат одной кладе с особями *Cervus elaphus sibiricus* алтайского происхождения (KF879805, изолят ММ767 [16], Республика Алтай, окрестности р. Аргут) (рис. 1).

*Cervus elaphus sibiricus* (синоним – *Cervus canadensis sibiricus*) известен как марал, или алтайский вапити, – вид, значительно отличающийся от благородного оленя [17]. Все особи в исследованной вольерной популяции относятся именно к этому виду. А в дикой популяции благородного оленя в Беларуси признаки матрилинейной наследственности вапити отсутствуют.

Молекулярно-генетический анализ исследуемой популяционной группировки оленей (табл. 1) позволил охарактеризовать ее генетическое разнообразие как среднее по показателям аллельного богатства и наблюдаемой гетерозиготности, с типичным для популяции оленей уровнем инбридинга. При этом исследуемая искусственная популяция оленей не находится в состоянии, близком к равновесию по Харди-Вайнбергу, что закономерно для хозяйственной популяции вольерного режима содержания.

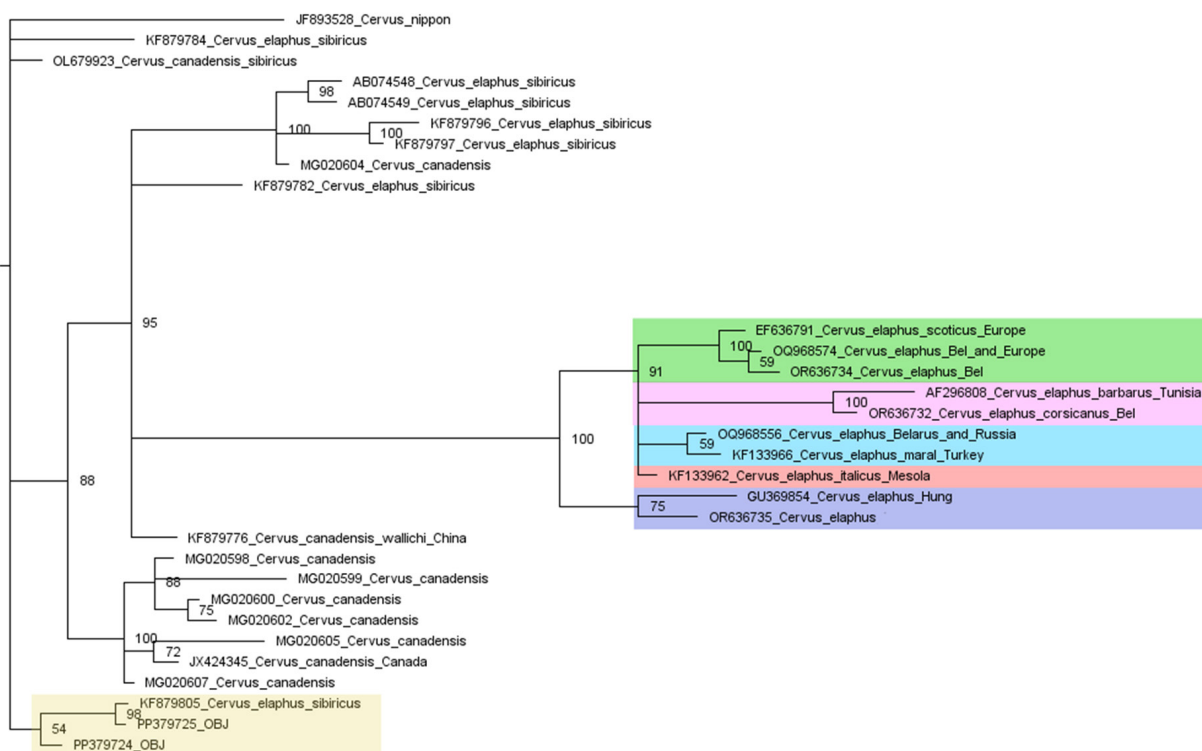


Рис. 1. Филогенетическое дерево последовательностей митохондриального контрольного региона *Cervus elaphus*, построенное по методу Байесовской вероятности с использованием модели Generalized Time-Reversible. Цветами выделены клады генетических линий благородного оленя (А – зеленый, В – розовый, С – синий, D – красный, E – бирюзовый) и клада исследуемой искусственной популяции (желтый). Последовательности обозначены по GenBank-идентификаторам. Последовательности особей из хозяйственной группировки – PP379725\_OBJ и PP379724\_OBJ

Fig. 1. Phylogenetic tree of sequences of the mitochondrial control region of *Cervus elaphus* constructed by the Bayesian probability method using the generalized time-reversible model. The colors indicate the clades of genetic lines of red deer (A – green, B – pink, C – blue, D – red, E – turquoise) and the clade of the studied artificial population (yellow). Sequences are designated by GenBank identifiers. Sequences of individuals from the economic group are designated as PP379725\_OBJ and PP379724\_OBJ

Таблица 1. Параметры генетического разнообразия в вольерной популяции оленей на ферме «Сибирское подворье», представленные по локусам

Table 1. Parameters of genetic diversity in the deer population of the Siberian Compound farm presented by loci

Локус	A	A <sub>R</sub>	H <sub>O</sub>	H <sub>E</sub>	HWE	F <sub>IS</sub>
Haut14	8	1,5	0,67	0,82	0,0895	0,224
T193	5	1,5	0,67	0,67	0,5086	0,000
BM1818	3	0,37	0,62	0,62	<b>0,046</b>	0,000
MM12	3	1,53	0,5	0,58	0,2519	0,160
T156	8	1,4	0,56	0,81	0,2953	0,446
T268	8	1,66	0,89	0,86	0,1189	-0,034
BM4208	5	1,66	0,89	0,71	0,4645	-0,202
IOBT965	5	1,63	0,6	0,74	<b>0,048</b>	0,233
T26	9	1,53	0,67	0,88	0,2434	0,313
Cer14	6	1,15	0,57	0,78	0,3012	0,368
T530	10	1,89	0,9	0,88	0,2815	-0,022
ETH152	2	1,26	0,44	0,35	0,3929	-0,205
Итого	74	1,36	0,52	0,62	<b>0,0129</b>	0,192

Примечание. A – число аллелей на локус; A<sub>R</sub> – показатель аллельного богатства; H<sub>O</sub> – наблюдаемая гетерозиготность; H<sub>E</sub> – ожидаемая гетерозиготность; HWE – величина p для χ<sup>2</sup>-теста на соответствие групп равновесию по Харди-Вайнбергу; F<sub>IS</sub> – коэффициент инбридинга по Райту. Жирным шрифтом выделены величины p < 0,05.

Миграционный анализ на основе данных полиморфизма микросателлитных фрагментов не указал на наличие выраженных потоков генов между искусственной группировкой и соседними дикими популяционными группами благородного оленя (рис. 2, табл. 2). Все показатели потенциального потока генов из популяции оленей хозяйства «Сибирское подворье» в соседние популяционные группировки благородного оленя не превышали уровня погрешности (<0,2).

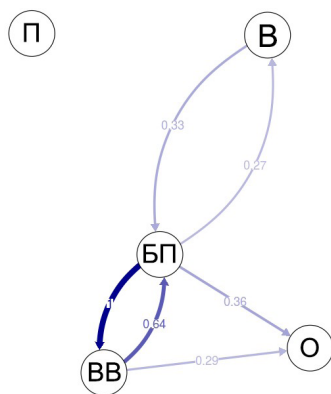


Рис. 2. Схематическое изображение относительной интенсивности миграционных потоков между условными географическими популяционными группами благородного оленя в Западной Беларуси и оленями с фермы «Сибирское подворье»: П – вольерная популяция; БП – Беловежская пушча; ВВ – Волковыск, О – Вилия-Островец, В – Воложин. Изображены потоки относительной интенсивности >0,25

Fig. 2. Schematic representation of the relative intensity of migration flows between conditional geographical population groups of red deer in Western Belarus and deer from the Siberian Compound farm (П – open-air population; БП – Belovezhskaya Pushcha; ВВ – Volkovysk, О – Viliya-Ostrovets, В – Volozhin). Flows of relative intensity >0.25 are depicted

Таблица 2. Показатели миграционных потоков между условными географическими популяционными группами благородного оленя в Западной Беларуси и оленями с фермы «Сибирское подворье»

Table 2. Indicators of migration flows between conditional geographical population groups of red deer in Western Belarus and deer from the Siberian Compound farm

Источник	Принимающая популяция	Воложин	Вилия-Островец	Беловежская пушча	Волковыск	Ферма «Сибирское подворье»
Воложин	–	–	0,169	<b>0,33</b>	0,232	0,108
Вилия-Островец	–	0,106	–	0,235	0,152	0,14
Беловежская пушча	–	<b>0,273</b>	<b>0,357</b>	–	<b>1</b>	0,123
Волковыск	–	0,152	<b>0,288</b>	<b>0,645</b>	–	0,126
Ферма «Сибирское подворье»	–	0,13	0,159	0,208	0,137	–

Примечание. Жирным шрифтом выделены потоки относительной интенсивности >0,25.

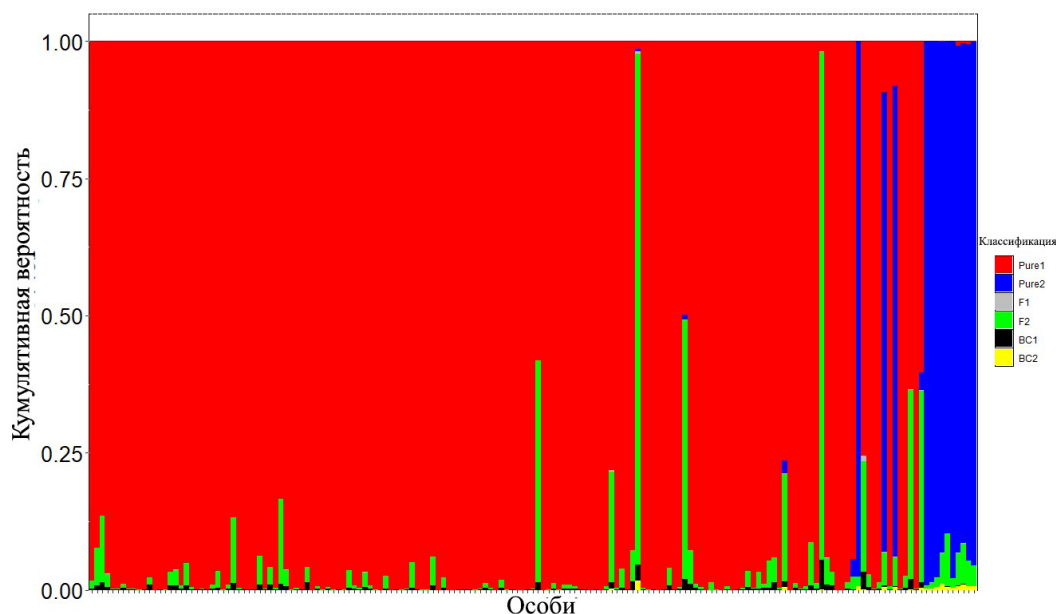


Рис. 3. График кумулятивных вероятностей индивидуальной принадлежности особей в белорусской метапопуляции благородного оленя и фермерских оленей к гибридным классам (каждый вертикальный столбик – индивидуальная особь из выборки). Цветовое заполнение обозначает кумулятивную вероятность принадлежности особи к гибриднему классу: красный и синий – вероятности принадлежности к чистым оленям и алтайским вапиту соответственно; серый – к гибридам F1; зеленый – к гибридам F2; черный – к F1-бэкрросным гибридам с благородным оленем; желтый – к F1-бэкрросным гибридам с алтайским вапиту

Fig. 3. Graph of cumulative probabilities of individual belonging of individuals in the Belarusian metapopulation of red deer and farm deer to hybrid classes (each vertical bar is an individual from the sample). Color filling indicates the cumulative probability of an individual belonging to a hybrid class: red and blue - the probability of belonging to pure deer and Altai wapiti, respectively; gray – for F1 hybrids; green – for F2 hybrids; black – for F1 backcross hybrids with red deer; yellow – to F1-backcross hybrids with Altai elk

Анализ микросателлитных данных исследуемых свободноживущих популяций (рис. 3) показал достоверную классификацию абсолютного большинства (>95 %) диких особей благородного оленя как чистых относительно центрально-белорусской контрольной группы. Исключение – пять особей: две особи (ТН00900 – западно-белорусской локализации, ТН02545 – северно-белорусской локализации) продемонстрировали высоковероятные (>90 %) признаки гибридов второго поколения между двумя контрольными популяциями; три особи – признаки чистых особей хозяйственной группировки с вероятностью от 83 до 92 %.

**Заклучение.** В результате проведенной работы получены данные о видовой принадлежности и происхождении искусственной популяции оленей с фермы «Сибирское подворье»: животные относятся к виду алтайских вапиту *Cervus canadensis sibiricus* и наиболее близки по последовательности митохондриального маркера контрольного региона к популяции с юга Республики Алтай. Следовательно, эта группировка филогенетически достоверно не относится к известному подвиду благородного оленя *Cervus elaphus maral*, распространенному на Ближнем Востоке, Кавказе и на территории Воронежского заповедника, которого в разговорной речи также называют маралом.

Обнаружение свойственных вапиту гаплотипов митохондриального контрольного региона у диких особей благородного оленя могло бы явиться неопровержимым доказательством наличия гибридизации, однако анализ контрольного региона не выявил ни одного подобного примера в выборке в 36 особей. Тем не менее, учитывая то, что митохондриальная наследственность строго матрилинейна [18], и то, что хозяйственная популяция оленей преимущественно состоит из самцов, разводимых на панты, выявить митохондриальные гаплотипы вапиту среди дикой популяции благородного оленя возможно только при наличии ярко выраженного потока генов в дикую среду, который осуществляется в том числе и особями женского пола.

Средние показатели генетического разнообразия, демонстрируемые искусственной группировкой оленей с фермы «Сибирское подворье», согласно микросателлитным данным, соответствуют таковым для хозяйственных популяций сравнимых размеров.

Большой интерес вызывают результаты миграционного анализа и выявления гибридов. Обнаружение в исследуемой выборке благородных оленей двух особей, отнесенных к гибридам второго поколения между хозяйственными вапити и диким оленем, а также трех особей с генетическими признаками алтайских вапити указывает на возможность побегов животных из искусственной популяции с последующей гибридизацией с дикими особями благородного оленя в природных условиях. Однако эти результаты следует рассматривать в контексте географии выборки и результатов митохондриального анализа.

Три особи благородного оленя, классифицированные анализом гибридизации как чистые алтайские вапити (ТН02454, Genbank A/N OR636734, ТН02860, ТН2862), были добыты на территориях Чериковского р-на Могилевской обл. и Верхнедвинского р-на Витебской обл. соответственно, что более чем в 400 км от границы фермы «Сибирское подворье». Одна из предположительных гибридных особей (ТН02545, Genbank A/N OR636735) также имеет верхнедвинскую локализацию. Эти четыре особи были обнаружены на расстоянии от предполагаемого источника, которое значительно превосходит типичную способность видов рода *Cervus* к дисперсии, особенно при условии миграции по множественным фрагментированным природным зонам через обширные антропогенные территории [19]. Только одна из предположительных гибридных особей (ТН00900, Genbank A/N OQ968570) была добыта в радиусе менее 100 км от ареала популяции хозяйства «Сибирское подворье».

Помимо географического фактора, значительными являются данные анализа митохондриальных последовательностей. Для трех из вышеперечисленных особей есть результаты анализа последовательностей митохондриальной ДНК (мтДНК), выполненного в рамках прошлых работ, однозначно относящие три из упомянутых особей к виду *Cervus elaphus* и его генетическим линиям А (особи ТН00900, ТН02454) и Е (особь ТН02545) [10]. Также показательны результаты миграционного анализа, не выявляющие достоверных признаков интенсивного потока генов из хозяйственной популяции фермы «Сибирское подворье». С учетом этих факторов наиболее вероятным объяснением является принадлежность особей ТН02454, ТН02545, ТН02860 и ТН2862 к гибридам с иными вапитоидными линиями *Cervus* неизвестного происхождения, например, пятнистым оленем *Cervus nippon*. Тем не менее показатели особи ТН00900 характеризуют ограниченные случаи гибридизации между хозяйственной и дикой популяцией оленей как возможные.

Суммарно популяция оленей с фермы «Сибирское подворье», установленная как принадлежащая к виду *Cervus canadensis sibiricus*, характеризуется средними показателями генетического разнообразия и на данный момент не является источником интенсивного потока генов алтайских вапити в дикую популяцию благородного оленя в Беларуси. При этом случаи побега особей и последующей гибридизации с дикими особями благородного оленя остаются вероятным риском и требуют дополнительного внимания для предотвращения неконтролируемой гибридной трансформации существующей популяции, прошедшей недавнее восстановление.

**Конфликт интересов.** Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

#### Список использованных источников

1. Романов, В. С. Благородный олень (*Cervus E. elaphus*) в Беларуси и основные принципы программы по его дальнейшей реакклиматизации / В. С. Романов, П. Г. Козло // Труды Белорусского государственного технологического университета. Сер. Лесное хозяйство. – 2002, № 1. – С. 30–42.
2. Шакун, В. В. Млекопитающие Беларуси / В. В. Шакун. – Минск: Беларусь, 2022. – 248 с.
3. Шакун, В. В. Особенности формирования популяций благородного оленя в Беларуси и факторы, их обуславливающие / В. В. Шакун. – Минск: [б. и.], 2011. – 24 с.
4. Introgression Through Rare Hybridization: A Genetic Study of a Hybrid Zone Between Red and Sika Deer (*Genus Cervus*) in Argyll, Scotland / S. J. Goodman, N. H. Barton, G. Swanson [et al.] // Genetics. – 1999. – Vol. 152, N 1. – P. 355–371. <https://doi.org/10.1093/genetics/152.1.355>
5. Gilman, R. T. Hybridization, species collapse, and species reemergence after disturbance to premating mechanisms of reproductive isolation / R. T. Gilman, J. E. Behm // Evolution. – 2011. – Vol. 65, N 9. – P. 2592–2605. <https://doi.org/10.1111/j.1558-5646.2011.01320.x>

6. Cryptic Biological Invasions: a General Model of Hybridization / C. S. Quilodrán, F. Austerlitz, M. Currat, J. I. Montoya-Burgos // *Scientific Reports*. – 2018. – Vol. 8, N 1. – P. 2414. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-20543-6>
7. Hale, M. L. Sampling for microsatellite-based population genetic studies: 25 to 30 individuals per population is enough to accurately estimate allele frequencies / M. L. Hale, T. M. Burg, T. E. Steeves // *PLoS One*. – 2012. – T. 7, N 9. – P. e45170. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0045170>
8. Коллекция Генетического банка дикой фауны ГНПО «НПЦ НАН Беларуси по биоресурсам» – подходы к формированию и практика использования коллекционных материалов для генетических исследований / А. А. Волнистый, А. А. Семенова, В. О. Молчан [и др.] // Всероссийская конференции «Зоологические коллекции как источник генетических ресурсов мировой фауны – классические и современные подходы к их изучению, хранению и использованию»: программа, тез. докл. и постерных сообщений, 22–23 июня 2022 г., Санкт-Петербург / Зоол. ин-т РАН. – СПб., 2022. – С. 15.
9. Reintroduction shapes the genetic structure of the red deer (*Cervus elaphus*) population in Belarus / A. A. Valnisty, K. V. Homel, E. E. Kheidorova [et al.] // *Theriologia Ukrainica*. – 2022. – Vol. 2022, N 23. – С. 31–46. <http://doi.org/10.15407/tu2306>
10. Between the lines: mitochondrial lineages in the heavily managed red deer population of Belarus / A. A. Valnisty, K. V. Homel, E. E. Kheidorova [et al.] // *Mammalian Biology*. – 2024. – Vol. 104, № 2. – P. 205–214. <https://doi.org/10.1007/s42991-023-00397-w>
11. Directional genetic differentiation and relative migration / L. Sundqvist, K. Keenan, M. Zackrisson [et al.] // *Ecology and Evolution*. – 2016. – Vol. 6, N 11. – P. 3461–3475. <https://doi.org/10.1002/ece3.2096>
12. diveRsiTy: An R package for the estimation and exploration of population genetics parameters and their associated errors / K. Keenan, P. McGinnity, T. F. Cross [et al.] // *Methods in Ecology and Evolution*. – 2013. – Vol. 4, N 8. – P. 782–788. <https://doi.org/10.1111/2041-210x.12067>
13. Anderson, E. C. A Model-Based Method for Identifying Species Hybrids Using Multilocus Genetic Data / E. C. Anderson, E. A. Thompson // *Genetics*. – 2002. – Vol. 160, N 3. – P. 1217–1229. <https://doi.org/10.1093/genetics/160.3.1217>
14. Excoffier, L. Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows / L. Excoffier, H. E. L. Lischer // *Molecular Ecology Resources*. – 2010. – Vol. 10, N 3. – P. 564–567. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2010.02847.x>
15. Волнистый, А. А. Разработка панели микросателлитных маркеров для мультиплексного генотипирования белорусских популяций благородного оленя (*Cervus elaphus* L.) / А. А. Волнистый // Структура и динамика биоразнообразия: материалы I Респ. заоч. науч.-практ. конф. молодых ученых, Минск, 23 дек. 2019 г. / Белорус. гос. ун-т; редкол.: С. В. Буга (гл. ред.) [и др.]. – Минск, 2019. – С. 260–263.
16. Late-glacial recolonization and phylogeography of European red deer (*Cervus elaphus* L.) / M. Meiri, A. M. Lister, T. F. G. Higham [et al.] // *Molecular Ecology*. – 2013. – Vol. 22, N 18. – P. 4711–4722. <https://doi.org/10.1111/mec.12420>
17. Phylogeny and evolution of the genus *Cervus* (Cervidae, Mammalia) as revealed by complete mitochondrial genomes / P. Mackiewicz, M. Matusiuk, M. Świsłocka [et al.] // *Scientific Reports*. – 2022. – Vol. 12, N 1. – Art. 16381. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-20763-x>
18. Boore, J. L. Animal mitochondrial genomes / J. L. Boore // *Nucleic Acids Research*. – 1999. – Vol. 27, N 8. – P. 1767–1780. <https://doi.org/10.1093/nar/27.8.1767>
19. How far to go? Determinants of migration distance in land mammals / C.S. Teitelbaum, W. F. Fagan, C. H. Fleming [et al.] // *Ecology Letters*. – 2015. – Vol. 18, N 6. – P. 545–552. <https://doi.org/10.1111/ele.12435>

## References

1. Romanov V. S, Kozlo P. G. Red deer (*Cervus e. elaphus*) in Belarus and the main principles of it's continued reacclimatization. *Trudy Belorusskogo gosudarstvennogo tekhnologicheskogo universiteta. Seriya Lesnoe khozyaistvo* [Proceedings of the Belarusian State Technological University. Forestry Series], 2002, no. 10, pp. 30–42 (in Russian).
2. Shakun, V. V. *Mammals of Belarus*, Minsk, Belarus' Publ., 2022. 248 p. (in Russian).
3. Shakun, V. V. *Peculiarities of the formation of red deer populations in Belarus and the factors causing them*. Minsk, 2011, 24 p. (in Russian).
4. Goodman S. J., Barton N. H., Swanson G., Abernethy K., Pemberton J. M. Introgression through rare hybridization: A genetic study of a hybrid zone between red and sika deer (*Genus Cervus*) in Argyll, Scotland. *Genetics*, 1999, vol. 152, no. 1, pp. 355–371. <https://doi.org/10.1093/genetics/152.1.355>
5. Gilman R. T., Behm J. E. Hybridization, species collapse, and species reemergence after disturbance to pre-mating mechanisms of reproductive isolation. *Evolution*, 2011, vol. 65, no. 9, pp. 2592–2605. <https://doi.org/10.1111/j.1558-5646.2011.01320.x>
6. Quilodrán C. S., Austerlitz F., Currat M., Montoya-Burgos J. I. Cryptic biological invasions: A general model of hybridization. *Scientific Reports*, 2018, vol. 8, no. 1, p. 2414. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-20543-6>
7. Hale M. L., Burg T. M., Steeves T. E. Sampling for microsatellite-based population genetic studies: 25 to 30 individuals per population is enough to accurately estimate allele frequencies. *PLoS ONE*, 2012, vol. 7, no. 9, p. e45170. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0045170>
8. Valnisty A. A., Semenova A. A., Molchan V. O., Homel K. V., Kheidorova E. E., Shpak A. V., Slivinska K., Lobanovskaya P. Yu., Nikiforov M. E. Collection of the Genetic Bank of Wild Fauna of the State Scientific and Production Center for Bioresources of the National Academy of Sciences of Belarus – approaches to formation and practice of using collection materials for genetic research. *Vserossiiskaya konferentsiya "Zoologicheskie kollektzii kak istochnik geneticheskikh*

*resursov mirovoi fauny – klassicheskie i sovremennye podkhody k ikh izucheniyu, khranenyu i ispol'zovaniyu*: programma, tezis dokladov i posternykh soobshchenii, 22–23 iyunya 2022 goda, Sankt-Peterburg [All-Russian Conference “Zoological Collections as a Source of Genetic Resources of the World Fauna – Classical and Modern Approaches to Their Study, Storage and Use”: program, abstracts of reports and poster presentations, June 22–23, 2022, St. Petersburg]. St. Petersburg, 2022, p. 15 (in Russian).

9. Valnisty A. A., Homel K. V., Kheidorova E. E., Nikiforov M. Y., Molchan V. O., Lobanovskaya P. Y., Semionova A. A. Reintroduction shapes the genetic structure of the red deer (*Cervus elaphus*) population in Belarus. *Theriologia Ukrainica*, 2022, vol. 2022, no. 23, pp. 31–46. <http://doi.org/10.15407/tu2306>

10. Valnisty A. A., Homel K. V., Kheidorova E. E., Molchan V. O., Nikiforov M. Y. Between the lines: Mitochondrial lineages in the heavily managed red deer population of Belarus. *Mammalian Biology*, 2024, vol. 104, no. 2, pp. 205–214. <https://doi.org/10.1007/s42991-023-00397-w>

11. Sundqvist L., Keenan K., Zackrisson M., Prodöhl P., Kleinhans D. Directional genetic differentiation and relative migration. *Ecology and Evolution*, 2016, vol. 6, no. 11, pp. 3461–3475. <https://doi.org/10.1002/ece3.2096>

12. Keenan K., McGinnity P., Cross T. F., Crozier W. W., Prodöhl P. A. diveRsity: An R package for the estimation and exploration of population genetics parameters and their associated errors. *Methods in Ecology and Evolution*, 2013, vol. 4, no. 8, pp. 782–788. <https://doi.org/10.1111/2041-210x.12067>

13. Anderson E. C., Thompson E. A. A model-based method for identifying species hybrids using multilocus genetic data. *Genetics*, 2002, vol. 160, no. 3, pp. 1217–1229. <https://doi.org/10.1093/genetics/160.3.1217>

14. Excoffier L., Lischer H. E. L. Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources*, 2010, vol. 10, no. 3, pp. 564–567. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2010.02847.x>

15. Valnisty A. A. Development of a panel of microsatellite markers for multiplex genotyping of Belarusian populations of red deer (*Cervus elaphus* L.). *Struktura i dinamika bioraznobraziya: materialy I Respublikanskoi zaochnoi nauchno-prakticheskoi konferentsii molodykh uchenykh, Minsk, 23 dekabrya 2019 goda* [Structure and dynamics of biodiversity: Proceedings of the I Republican correspondence scientific and practical conference of young scientists, Minsk, December 23, 2019]. Minsk, 2019, pp. 260–263 (in Russian).

16. Meiri M., Lister A. M., Higham T. F. G., Stewart J. R., Straus L. G., Obermaier H., González Morales M. R., Marín-Arroyo A. B., Barnes I. Late-glacial recolonization and phylogeography of European red deer (*Cervus elaphus* L.). *Molecular Ecology*, 2013, vol. 22, no. 18, pp. 4711–4722. <https://doi.org/10.1111/mec.12420>

17. Mackiewicz P., Matusiuk M., Świsłocka M., Zachos F. E., Hajji G. M., Saveljev A. P., Seryodkin I. V., Farahvash T., Rezaei H. R., Torshizi R. V., Mattioli S., Ratkiewicz M. Phylogeny and evolution of the genus *Cervus* (Cervidae, Mammalia) as revealed by complete mitochondrial genomes. *Scientific Reports*, 2022, vol. 12, no. 1, art. 16381. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-20763-x>

18. Boore J. L. Animal mitochondrial genomes. *Nucleic Acids Research*, 1999, vol. 27, no. 8, pp. 1767–1780. <https://doi.org/10.1093/nar/27.8.1767>

19. Teitelbaum C. S., Fagan W. F., Fleming C. H., Dressler G., Calabrese J. M., Leimgruber P., Mueller T. How far to go? Determinants of migration distance in land mammals. *Ecology Letters*, 2015, vol. 18, no. 6, pp. 545–552. <https://doi.org/10.1111/ele.12435>

## Информация об авторах

*Волнистый Арсений Андреевич* – научный сотрудник. Научно-практический центр НАН Беларуси по биоресурсам (ул. Академическая, 27, 220072, г. Минск, Республика Беларусь). E-mail: [volnisty.aa@yandex.ru](mailto:volnisty.aa@yandex.ru)

*Сергеев Геннадий Валерьевич* – канд. хим. наук, заведующий лабораторией. Институт биоорганической химии НАН Беларуси (ул. Академика Купревича, 5/2, 220141, г. Минск, Республика Беларусь). E-mail: [gvserg@iboch.by](mailto:gvserg@iboch.by)

*Гомель Константин Вячеславович* – канд. биол. наук, вед. науч. сотрудник. Научно-практический центр НАН Беларуси по биоресурсам (ул. Академическая, 27, 220072, г. Минск, Республика Беларусь). E-mail: [homelkv@gmail.com](mailto:homelkv@gmail.com)

*Никифоров Михаил Ефимович* – академик, д-р биол. наук, профессор, заведующий лабораторией. Научно-практический центр НАН Беларуси по биоресурсам (ул. Академическая, 27, 220072, г. Минск, Республика Беларусь). E-mail: [nikif@tut.by](mailto:nikif@tut.by)

## Information about the authors

*Arseni A. Valnisty* – Researcher. Scientific and Practical Center of the National Academy of Sciences of Belarus on Bioresources (27, Akademicheskaya Str., 220072, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: [volnisty.aa@yandex.ru](mailto:volnisty.aa@yandex.ru)

*Gennady V. Sergeev* – Ph. D. (Chem.), Head of Laboratory. Institute of Bioorganic Chemistry of the National Academy of Sciences of Belarus (5/2, Academician Kuprevich Str., Minsk, Republic of Belarus). E-mail: [gvserg@iboch.by](mailto:gvserg@iboch.by)

*Kanstantsin V. Homel* – Ph. D. (Biol.), Leading Researcher. Scientific and Practical Center of the National Academy of Sciences of Belarus on Bioresources (27, Akademicheskaya Str., 220072, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: [homelkv@gmail.com](mailto:homelkv@gmail.com)

*Mikhail E. Nikiforov* – Academician, D. Sc. (Biol.), Head of the Laboratory. Scientific and Practical Centre of the National Academy of Sciences of Belarus on Bioresources (27, Akademicheskaya Str., 220072, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: [nikif@tut.by](mailto:nikif@tut.by)