

Wildlife protection:
demonstrability of wildlife crime
with forensic DNA analysis

Casework applications

P. Zenke^{1*}
B. Egyed²
Zs. Pádár³

1. Állatorvostudományi Egyetem,
Állattenyésztési, Takarmányozástani
és Laborállat-tudományi Tanszék
H-1078 Budapest, István utca 2.

*E-mail: Zenke.Petra@univet.hu

2. Eötvös Loránd Tudományegyetem,
Genetika Tanszék, Budapest
SynlabGenoid DNS Laboratórium,
Budapest

3. Kriminológiai és
Kriminalisztikai Kutatóközpont,
Széchenyi István Egyetem, Győr
GenExpert Igazságügyi Szakértői Kft.,
Szentendre

A vadászható fajok védelme: az orvvadászat bizonyíthatósága az igazságügyi genetika segítségével

Eseti alkalmazások

Zenke Petra^{1*}, Egyed Balázs², Pádár Zsolt³

ÖSSZEFOGLALÁS

Habár a vadászható fajok védelmével kapcsolatos jogszabályi környezet országonként meglehetősen változatos, a veszélyeztetett vagy gazdaságilag értékesíthető fajok illegális vadászata, kereskedelme komoly problémát is jelenthet. Az esetenként bünszövetkezeti formában elkövetett cselekmények jövedelmezőségük és kis büntetési kockázatuk miatt a megakadályozásukat célzó törekvések ellenére sem csökkenthetők megfelelően. A szerzők jelen közleményükben bemutatják, hogy az igazságügyi genetika fejlődésének köszönhetően a DNS-vizsgálatok Magyarországon is egyre hatékonyabb módon járulnak hozzá az eseti bizonyítékok bírósági mérlegeléséhez.

SUMMARY

Background: Recently, wildlife poaching as a part of wildlife crime caused a serious decline for several species. Integration of novel methods or specific applications into forensic sciences increases the range of available actions against these global activities.

Objectives: The goal of our paper is to present some recent challenges and limitations of Hungarian wildlife forensics, call attention to these problems, and increase the veterinary profession's interest in wildlife crime investigation.

Materials and Methods: In our presented cases several types of samples – meals (muscles), hairs, swabs, different evidence materials (handkerchief papers, textiles, hunting tools, secondary surfaces, transferred materials) – were examined by DNA analyses after (morphological) selection. The targets of our PCR-based methods are located in both nuclear and mitochondrial genome. The species identification was carried out by multiplex analyses of mtDNA Cytochrome (b) region. Additionally, as requested by authorities for the different level of individualisation, the red deer-specific nuDNA STRs (10 loci in two 5-plex) or mtDNA control region – of *Sus scrofa* (CR 15435-16680) and *Cervus elaphus* (CR 15442-16357) – were genotyped, or sequenced.

Results and Discussion: The professional experiences and the legal consequences of presented caseworks reveal the usefulness of forensic genetics in solving Hungarian wildlife crimes. Where persons are skilled in this discipline, the genetic evidence can play an important role in police investigation as well as in the legal process.

A vadászható fajokkal kapcsolatos bűncselekmények számának növekedése napjainkban akár globális problémaként is felvethető (45). A számos kockázati tényező korlátozását, megelőzését kormányok, kormányközi testületek, konzorciumok, rendvédelmi szervezetek és civil természetvédő mozgalmak igyekeznek megvalósítani (4, 5, 13, 14, 34), ám valószínű, hogy az legfőbb kiváltó ok – elsődleges fogyasztói kereslet – felszámolása nélkül a megoldás még hosszú időt vesz igénybe. A modern technológia és eszköztár bővülése azonban remélhetőleg sikeresen visszaszoríthatja a kritikus folyamatok némelyikét (10, 28).

A vadászható fajokkal kapcsolatos bűncselekmények száma napjainkban növekszik

Az állatorvosok szerepvállalása a vadvédelem területén meglehetősen széles körre terjed ki

A kívánt célok eléréséig az állatorvosok szerepvállalása a vadvédelem területén meglehetősen széles körre terjed ki, a helyszíni segítségnyújtástól és szemléltől kezdve a mérgezések toxikológiai vizsgálatáig, a sérülések ellátásától azok okának megállapításáig (6, 35). Az új tudományos módszerek és szakterületek állatorvos-tudományba történő beépülésével bővülő eszköztár (25, 46) egyre nagyobb segítséget nyújt a hatóságoknak mind a felderítésben, mind pedig a bizonyítási eljárásban (15, 30).

Hazánkban az igazságügyi célú genetikai vizsgálatokat először kutyákkal kapcsolatos esetekben végeztek

Magyarországon az igazságügyi célú felhasználásra alkalmas nem-humán polimorf genetikai markerek kutyákkal kapcsolatos esetekben kerültek először gyakorlati alkalmazásra (31, 32), de a DNS-alapú vizsgálatok napjainkra egyre több állatra és növényre terjednek ki (17, 18, 38, 43). Az igazságügyi genetika a konzervációgenetika kutatási eredményeit is használja és beépíti, ugyanakkor a gyakorlati alkalmazás a bizonyítékként történő felhasználáshoz igazodó követelményrendszeren alapul (16, 29).

A gímszarvas (*Cervus elaphus*) nagytestű növényevő, és bár nem tartozik Magyarország védett állatfajai közé (49), hazai jelentősége nemcsak ökológiai, hanem vadgazdálkodási szempontból is kiemelkedő. Vadászható nagyvadként jelentős trófea- és tenyészértéke, ill. napjainkban élelmiszeripari jelentősége is van (7).

Az orvvadászat jogi megítélésének szigorítása a büntetőjogi bizonyítás követelményeinek való megfelelést is jelenti

A gímszarvas polimorfizmusait (11, 48), evolúcióját, elterjedését (8, 21), állományainak eredetét (12, 20), összetételét és jellemzőit (24) genetikai módszerekkel intenzíven kutatják. Engedély nélküli vadászatának mértékét – komoly technológiai fejlesztés (28) nélkül – annak rejtett volta miatt pontosan még csak fel sem tudjuk mérni (36), becslése azonban a hibahatárok ellenére is rendkívül nagy számot valószínűsít (3). Az orvvadászat jogi megítélésének szigorítása (50) azonban nem csupán a visszatartó erő lehetőségének fokozását, hanem a büntetőjogi bizonyítás követelményeinek való megfelelést is jelenti. A nem-humán igazságügyi vizsgálatok a terület kiterjedt volta és a fajok genetikai különbsége miatt a humán igazságügyi genetikához képest lassabban standardizálhatók, a szakmai ajánlások a fejlődésére jellemzően látnak napvilágot (1, 22). A magyarországi jogalkalmazói gyakorlat a törvényi szigorításnak megfelelően – európai viszonylatban is az elsők között (26) –, egyre többször használja fel a genetikai bizonyítékot, amelyek eseti tapasztalataiból a későbbi kihívások, korlátok és lehetőségek mérlegelése céljából mutatunk be két esetet.

SAJÁT VIZSGÁLAT

ESETISMERTETÉS (1)

2015. június.

Egy bűnügyi eljárásban a lefoglalt húsminták faji eredetének és a donoregyedek minimális számának meghatározása volt a cél

Az N. Rendőrkapitányság Bűnügyi Osztálya üzletszerűen elkövetett lopás büntettének gyanúja miatt, ismeretlen tettes ellen folyamatban lévő büntetőügyében igazságügyi szakértői vizsgálatot rendelt el. Az előzményi adatok alapján K. D. volt meggyanúsítható azzal, hogy 94 kg illegálisan megszerzett vadhúst kívánt eladni a kettős állampolgár L. S. számára, akitől elfogása után



1. ÁBRA. Különböző, morfológiai vizsgálattal csoportosított, fagyasztott vizsgálati minták (Eset 1. fotó GenExpert)

FIGURE 1. Different, previously morphologically selected, frozen evidence samples (Case 1. photos: GenExpert)

A fajazonosítást multiplex PCR-t követő fragmentvizsgálattal, a donoregyedek számának meghatározását szekvenciavizsgálattal végezték

118 kg hús került lefoglalásra. Az eljárásban a lefoglalt húsminták faji eredetének és a potenciális donoregyedek minimális számának költségghatékony meghatározása vált szükségessé.

A genetikai vizsgálat mintáinak csoportosítása, mennyiségi csökkentése az előzetesen elvégzett morfológia vizsgálatokkal történt (1. ábra).

A korlátozott számú és mennyiségileg csökkentett minták laboratóriumi vizsgálata a fagyasztva tárolt izomszövet- (hús-) mintákból történt. A vizsgálatokkal a beküldött minták legalább két faj (sertés/vaddisznó és szarvas) három különböző egyedétől való származása volt megállapítható, amely alátámasztotta a hatóság vádemelését. A bírósági eljárás a vádlottakat bűnösnek találta.

ESETISMERTETÉS (2)

2016. április.

Az S. Rendőrkapitányság lopás gyanúja miatt, T. Z. ellen folyamatban lévő büntetőügyében igazságügyi szakértői vizsgálatot rendelt el. Az előzményi adatok alapján ismeretlen tettes egy tanya melletti – a D. D. Vadásztársaság kezelésében lévő – mezőgazdasági művelés alatt álló vadászterületen gímszarvasborjat ejtett el. A tetemről több, értékes részt eltulajdonított, majd a torzót a helyszínen hátrahagyta.

A vadászterületen lefolytatott szemle során a tetemről mintavételi pálcára vérgyanús szennyeződést valamint az elejtés helyéről állati szőrmaradványt rögzítettek. A cselekmény elkövetésével meggyanúsított személytől több tárgyat – vadászinget, nadrágot, vadászkést, papírzsebkendőket stb. – foglaltak le, amelyek az előzetes (nem specifikus) vizsgálatok során vérgyanús szennyeződések mutatott ki. A gyanúsított pulóveréről két szőrképletet biztosítottak laboratóriumi vizsgálatra.

A szőrminták összehasonlítása és válogatása az előzetesen elvégzett, mikroszkópos morfológiai vizsgálatokkal történt. A laboratóriumi vizsgálatok korlátozott számú mintából kerültek kivitelezésre.

Az eredmények alapján lehetséges mintadonorként legalább három fajt (sertés/vaddisznó, szarvas, ember) és legalább két gímszarvasegyedet lehetett azonosítani. A bűnjelekből kimutatott gímszarvasmintázatok egyike a helyszíni minta genetikai mintázatával mutatott egyezést, ami alátámasztotta a hatóság vádemelését. Az orvvadászat és más bűncselekmények miatt indított eljárásban jogerős ítélet a cikk megírásáig még nem született.

ANYAG ÉS MÓDSZER

ESET (1)

A morfológiailag csoportosított, fagyasztott izomszövetekből kimetszésekkel vizsgálati mintákat biztosítottunk. A DNS kinyerése proteolitikus emésztés, szerves kivonás és ultraszűrés/koncentráció alkalmazásával, a mennyiségi és minőségi ellenőrzése agarózgél-elektroforézissel történt.

A potenciális fajok azonosítását a mitokondriális DNS Cytochrome b (Cytb) gén régiójára tervezett, 12 fajspecifikus primer-párt – ember (*Homo sapiens*), macska (*Felis catus*), kutya (*Canis lupus familiaris*), szarvasmarha (*Bos taurus*), kecske (*Capra hircus*), birka (*Ovis aries*), ló (*Equus caballus*), szamár (*Equus asinus*), sertés/vaddisznó (*Sus scrofa*), nyúl (*Oryctolagus cuniculus*), róka (*Vulpes vulpes*), gímszarvas (*Cervus elaphus*) – magában foglaló, multiplex PCR fragmentvizsgálattal végeztük (33, 41).

A minimális egyedszám megállapításához a tisztázott faji eredet követően a mitokondriális genom nem kódoló szakaszán megtalálható hipervariabilis régió (CR) PCR-sokszorozását és szekvenciavizsgálatát végeztük el. Az alkalmazott szarvas (*Cervus elaphus*) valamint sertés/vaddisznó (*Sus*

scrofa) specifikus primerpárok tervezése referenciaszekvenciák alapján történt (42, 44). A sertés/vaddisznó esetében (CR 15433-00044) az 5'-TGCAACCA-AAACAAGCAT és 5'-AGGCATTTTCAGTGCCTTG, a gímszarvas esetében (CR 15391-00036) az 5'-GCCCCACTATCAACACCC és az 5'-TCAGTGCCTTGCTTTGC primereket használtuk.

ESET (2)

A szörképleteket fénymikroszkópos morfológiai vizsgálattal választottuk ki. A ruházatról és a használati tárgyakról kimetszéssel, ill. steril másodlagos hordozókra ledörzsöléssel mintákat biztosítottunk. A DNS kinyerését proteolitikus emésztés, szerves kivonás és ultraszűrés/koncentráció ill. adszorpciós eljárás (Prepfil®er®, Applied Biosystems) alkalmazásával végeztük, mennyiségi és minőségi ellenőrzése agarózgél-elektroforézissel történt.

A potenciális fajok azonosítására az előző esetnél leírt, multiplex Cyt(b) génvizsgálatot alkalmaztuk. Az egyediség valószínűsítésére a tisztázott faji eredetű minták közül kiválasztott, gímszarvas mintákat használtuk, amelyekből STR- (polimorf, rövid, tandem-szerűen ismétlődő szakaszokat tartalmazó) lokuszok PCR-felsokszorozását és fragmentvizsgálatát végeztük el (37, 38).

EREDMÉNYEK

ESET (1)

A genetikai módszerekkel vizsgált tíz minta közül négy sertés/vaddisznó, hat gímszarvas eredetűnek bizonyult. A kontrollrégió (CR) – anyai leszármazási vonal – szekvenálása során a négy mintában a *Sus scrofa* referenciaszekvenciához hasonlítva (Genbank AN: AJ002189) azonos eltéréseket figyelünk meg, ami legalább egy azonosítható egyedre feltételez.

A másik hat minta a *Cervus elaphus* referenciaszekvenciához hasonlítva (Genbank AN: AB245427) két különböző, de 3–3 mintában egyező anyai leszármazási vonalat képviselt, ami legalább két azonosítható egyedre feltételez (2. ábra). Fentieknek megfelelően az ismeretlen húsminták legalább három különböző donortól származtak.

Az első esetben a tíz húsminta közül négy sertés/vaddisznó, hat gímszarvas eredetűnek bizonyult

Bázis pozíció	15548	15562.1	15562.2	15571	15595	15595.1	15597	15599	15621	15679	15693	15696	15706	15759	15761	15763	15775	15835	15868	15871	15950	15955	15957	15961	15983	16072	16178	16213	16221	16222	16277	16316	16337	16370	
Mintakód																																			
Referencia	C	-	-	C	A	-	C	C	G	A	T	C	T	G	C	C	G	G	G	C	C	C	A	A	A	T	A	T	C	T	A	C	C	C	
1.	T	T		T	G	T	A	T	A	T	C	T	C	A	T	T	A	A		T		T	G	T		G	G	del			G	T	G	T	
2.	T	T		T	G	T	A	T	A	T	C	T	C	A	T	T	A	A		T		T	G	T		G	G	del			G	T	G	T	
4.	T	T		T	G	T	A	T	A	T	C	T	C	A	T	T	A	A		T		T	G	T		G	G	del			G	T	G	T	
5.	T	T	T	T	G	T	A	T		T				A	T	T	A		A	T	T	T	G	T	G		G		T	C	G	-	-	-	
6.	T	T	T	T	G	T	A	T		T				A	T	T	A		A	T	T	T	G	T	G		G		T	C	G	T	G	T	
8.	T	T	T	T	G	T	A	T		T				A	T	T	A		A	T	T	T	G	T	G		G		T	C	G	T	G	T	

2. ÁBRA. A mitokondriális DNS kontrollrégióra irányuló vizsgálat során kimutatott gímszarvas (*Cervus elaphus*) haplotípusok A táblázat a referenciaszekvenciától (Genbank AN: AB245427) a 15456–16371 (az 5. minta esetében 15465–16300) nukleotid pozíciók között megállapított szekvenciális eltéréseket tartalmazza (Eset 1.)

FIGURE 2. Mitochondrial DNA haplotypes of red deer (*Cervus elaphus*) samples

The range of sequence alignment 15456–16371 (in case of No. 5. sample the analysed region is 15465–16300) nucleotide (Case 1.)

ESET (2)

A használati tárgyáról szakértői bűnjel szemle során biztosított szőrképletek a fénymikroszkóppal történt morfológiai vizsgálat során a szerkezetben, a pigmentáltságban és a kutikuláris mintázatban megfigyelt, lényegi hasonlóságok és eltérések alapján részben telogén (kihullott), részben katagén (kitépődött), szarvastól származó szőrszálakként voltak azonosíthatók. A helyszínen szemléje során összehasonlító mintaként biztosított szőrcomó túlnyomó többségben telogén ill. kevés késői katagén szőrszálakat tartalmazott. A hatóság által a gyanúsított személy használati tárgyáról biztosított szálak telogén (kihullott) emberi hajszálnak bizonyultak (3. ábra).

3. ÁBRA. A: a helyszínen összehasonlító mintaként biztosított szőrcomó (gímszarvas). B: a gímszarvas szőrképletek túlnyomó többségét adó késői katagén/telogén fázisú szőrszálak tövi része és kutikuláris mintázata. C: a helyszínen a tetemről összehasonlító mintaként biztosított véres törlet, amely sejtmagi DNS-vizsgálatra alkalmatlannak bizonyult. D: használati tárgyáról biztosított, kihullott emberi hajszál tövi- és szálvégi része. E: szőrképlet a gyanúsított vadászingén. F: a gyanúsított vadászingén fellelt, törött, katagén fázisú szőrképlet tövi része és kutikuláris mintázata. (Eset 2. fotó: a helyszíni felvétel kivételével – GenExpert)

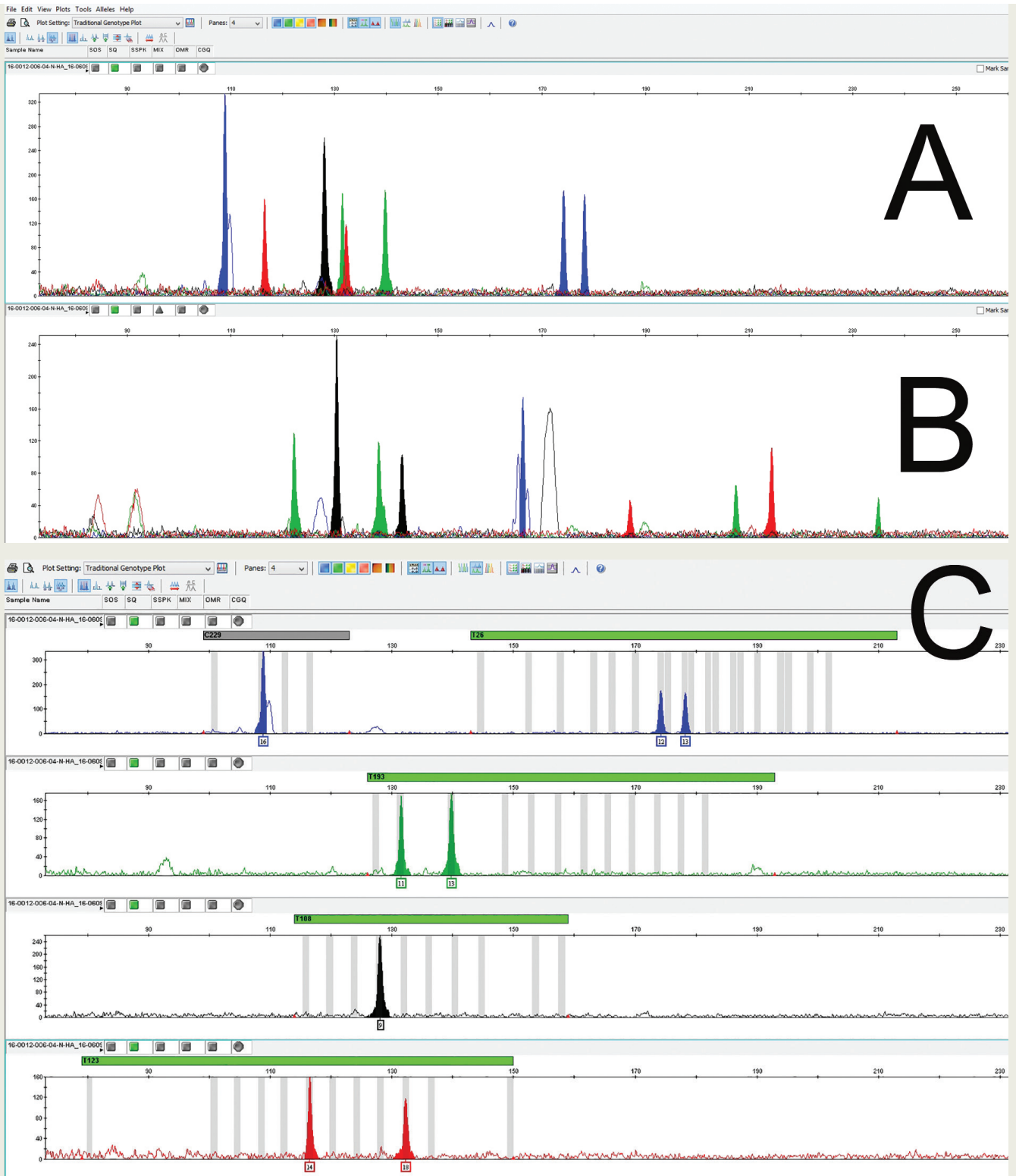
FIGURE 3. A: hairs of corpse from crime scene. B: photomicrographs of catagen/telogen hairs from the majority of samples – cuticle, medulla and hair root. C: sampling from corpse – bloody swab for comparison. D: telogen human hairs from the suspect's article. E, F: catagen deer hair from suspect's shirt – cuticle, medulla and hair root. (Case 2. photos: except for those of the crime scene – GenExpert)



A második esetben a megvizsgált 12 minta közül nyolc gímszarvas-, egy sertés/vadsertés-, egy kevert állati, egy pedig többszörösen kevert faji eredetűnek bizonyult

A használati tárgyáról biztosított, genetikai módszerekkel vizsgált tizenkét minta közül nyolc gímszarvas-, egy sertés/vadsertés-, egy kevert állati (sertés/vadsertés és gímszarvas), egy pedig többszörösen kevert (ember, sertés/vadsertés és gímszarvas) faji eredetűnek bizonyult. Egy minta faji eredete nem volt megállapítható.

A kizárólag gímszarvas eredetű mintákból elvégzett, polimorf sejtmagi (C229, T26, T193, T108, T123, T501, T172, T156, C01, T507) lokuszok (4. ábra) vizsgálatával nyert genetikai mintázatok két gímszarvas egyedtől származtak, és többségükben – beleértve a gyanúsított vadászingérről biztosított szőrszálakat is (3. ábra) – a cselekmény helyszínén biztosított szőrminták genetikai profiljával mutattak egyezést. Magyarországi populációs adatok alapján a genetikai mintázatok egyezése bizonyossággal határos valószínűséggel támasztotta alá a minták azonos egyedtől való származását. Az összehasonlító mintaként a helyszínen biztosított véres törlet (3. ábra) sejtmagi genetikai mintázata nem volt megállapítható.



4. ÁBRA. Az alkalmazott gímszarvas miniplex PCR-rendszerek vizsgálata bűnjelmintából. A: DeerPlex I; B: DeerPlex II. C: A DeerPlex I. 5plex marker-rendszer C229, T26, T193, T108, T123 lokuszainak genotipizálása a bűnjelmintából – szőrszál a gyanúsított ingéről (Eset 2. GenExpert)

FIGURE 4. Electropherograms of the two 5-plex deer-PCR systems from evidence sample – catagen deer hair from the suspect's shirt. A: DeerPlex I; B: DeerPlex II. C: Genotype of evidence sample at C229, T26, T193, T108, T123 loci of DeerPlex I. (Case 2. GenExpert)

MEGVITATÁS

A vadászható fajokkal kapcsolatos törvénybe ütköző cselekmények, esettípusok igen sokfélék lehetnek

A vadászható fajokkal kapcsolatos törvénybe ütköző cselekmények, esettípusok igen sokfélék lehetnek (46), függetlenül attól, hogy azok helyi vagy nemzetközi védelem alatt álló fajok egyedeivel történnek (15), amit magyarországi tapasztalataink is alátámasztanak (38). Tovább árnyalja a helyzetet, hogy az állatok földrajzi elterjedése nem minden esetben esik egybe a nemzeti és politikai határokon belül érvényre juttatott jogi szabályozással (29, 47). A faji és eseti sokféleség az igazságügyi genetika nem-humán területén dolgozó szakembereket folyamatosan megújuló kihívásoknak teszi ki. A változatosság magában hordozza a vizsgálandó minták típusának eltéréseit, mennyiségi és minőségi változékonyságát – lásd száz kilogramm húsminta / egyetlen kihullott szőrszál – is, amelyek alapvetően meghatározhatják a szakértői vizsgálat stratégiáját (ti. milyen vizsgálat(ok) eredményessége várható a vizsgálati mintából). A helyszíni, szakszerűnek tűnő mintavételek gyakran válnak vizsgálhatósági szempontból értékelhetetlenné. Összehasonlító minta céljára gyűjtött szőrszálak – az emberi összehasonlító hajmintáktól eltérően – gyakran bizonyulnak késői katagén/telogén fejlődési fázisú képleteknek, amelyek sejtmagi DNS-vizsgálatra nem, vagy csak igen korlátozott mértékben lesznek alkalmasak (3. ábra). A természetes vedlési folyamatot, időjárást nem kellően mérlegelő szőr-mintavétel könnyen korlátozhatja a genetikai bizonyítékok szerepét. A természeti környezet összetett hatásainak hosszabb-rövidebb ideig kitett állati tetemek, maradványok nemcsak a rothadásnak és bomlásnak, hanem helyszíni ragadozók, dögevők ill. a metagenom felülszennyezésének (kontaminációjának) is nagyobb mértékben vannak kitéve (3. ábra). A minták felülszennyezésének kockázata – nem a vád alapjául szolgáló minta, hanem a szennyező genetikai információja válhat genetikai bizonyítékká (19) – a professzionális/inhouse feldolgozás különböző foka és felkészültsége mellett sem zárható ki, ami különösen vér- és légyszöveti maradványok esetében következhet be (1. ábra). Tekintettel arra is, hogy az elkövetők gyakran vadászható fajokkal kapcsolatos törvényes tevékenységük mellett/ellenére válnak bűnelkövetővé, a fajidegen szennyeződés, ill. a lehetséges bizonyítékként valószínűsített biológiai anyagramaradványok keveredése gyakran előfordulhat, ezért használati tárgyairól általában minden lehetséges mintát meg kell vizsgálni (Eset 2.). A biztosított minták vizsgálati megfelelősége a korlátozott anyagi erőforrásokkal rendelkező (hazai) hatóságok számára sok esetben fokozott jelentőségű.

A fajidegen szennyeződés, ill. a biológiai anyagramaradványok keveredésének lehetősége miatt a feltételezett bűnelkövető használati tárgyairól minden lehetséges mintát meg kell vizsgálni

A mintákban rejlő kihívások mellett figyelembe kell vennünk az érintett fajok eltérő genetikai hátterét, ami a módszertani egységesítés és minőségirányítási elvek érvényesítése mellett a véleményi interpretációt is érinti. Esetenként a földrajzi/területi eredet, származási hely meghatározása is szükségessé válhat (29). A feltételes valószínűség (Bayes-alapú) tesztelésére szolgáló statisztikai módszerek (23) alapozhatók populációs adatbázisokra, de a polimorf markerek allélgyakoriságát a fizikailag vagy jogilag korlátozott elérhetőségű fajok esetében meglehetősen nehéz vizsgálni. A populációk közötti statisztikailag szignifikáns különbségek hozzájárulhatnak tehát a származási helyek tisztázásához (9), amiben kiegészítő információt nyújthat az élőhelyek parazitológia jellemzőinek ismerete is (39, 40).

Magyarországon a vad- és a háziállatok hibridizációja több fajnál is megfigyelhető (27, 39). A hibridek genetikai vizsgálatokkal történő megkülönböztetése jelenleg az eseti gyakorlatot nem igazán jellemzi, nehezen megvalósítható, mivel a vizsgálat viszonylag nagy mennyiségű, ép DNS-t igényel (2). A sertés/vaddisznó géncsere vonatkozásában megállapítható, hogy a magyar tradicionális disznótartás korábban egyáltalán nem zárta ki a vad- ill. házi állományok genetikai keveredését. Esetünkben a mitokondriális DNS hipervariabilis régiójának (CR) vizsgálata során a megkülönböztetést lehetővé tevő jellemző, kizárólagos eltérést mi sem találtunk (Eset 1.).

IRODALOM

1. Animal Plant and Soil Traces expert working group (ENFSI APST): Best Practice Manual for the Application of Molecular Methods for the Forensic Examination of Non-Human Biological Traces. 2015. https://ghep-isfg.org/wp-content/uploads/medios/ENFSI_non-human_biological_traces_2015.pdf
2. ALACS, E. A. – GEORGES, A. et al.: DNA detective: a review of molecular approaches to wildlife forensics. *Forensic Sci. Med. Pathol.*, 2010. 6. 180–194.
3. BARNA R.: A nagyvadgazdálkodás vizsgálata a Dél-dunántúli régióban. Doktori értekezés. *Kaposvári Egyetem Gazdaságtudományi Kar* 2005.
4. Coalition Against Wildlife Trafficking 2005. <http://www.cawtglobal.org>
5. Convention on International Trade in Endangered Species of Wild Fauna and Flora (CITES) 1975. <https://www.cites.org>
6. COOPER, J. E. – COOPER, M. E. – BUDGEN, P.: Wildlife crime scene investigation: techniques, tools and technology. *Endang. Species Res.*, 2009. 9. 229–238
7. Földművelésügyi Minisztérium: Növelni kell a hazai vadhúsfeldolgozó kapacitást. 2015. <http://www.kormany.hu/hu/foldmuvelesugyi-minisztium/hirek/novelni-kell-a-hazai-vadhushfeldolgozo-kapacitast>
8. FRANK, K. – BARTA, E. – BANA, N. Á. – NAGY, J. – HORN, P. – OROSZ, L. – STÉGER, V.: Complete mitochondrial genome sequence of a Hungarian red deer (*Cervus elaphus hippelaphus*) from high-throughput sequencing data and its phylogenetic position within the family Cervidae. *Acta Biol. Hung.*, 2016. 67. 133–147.
9. FRANTZ, A. C. – POURTOIS, J. T. et al.: Genetic structure and assignment tests demonstrate illegal translocation of red deer (*Cervus elaphus*) into a continuous population. *Mol. Ecol.*, 2006. 15. 3191–3203.
10. GHOLAMI, S. – PLUMPTRE, A. et al.: A New Predictive Anti-Poaching Tool for Wildlife Protection. *Proceedings of the 2016 International Conference on Autonomous Agents & Multiagent Systems*. 2016. 767–775.
11. HAANES, H.: Genetic variation and structure in Norwegian red deer (TOD) *Norwegian School of Veterinary Science* 2008. https://teora.hit.no/bitstream/handle/2282/1025/Main_thesis.pdf?sequence=3
12. HAANES, H. – ROSVOLD, J. K. – RØED, H.: Non-indigenous introgression into the Norwegian red deer population. *Conserv. Genet.*, 2013. 14. 237–242.
13. International Consortium on Combating Wildlife Crime (ICWC) 2010. <https://www.cites.org/eng/prog/icwc.php>
14. Interpol Environmental Compliance and Enforcement Committee (ECEC) Wildlife Crime Working Group (WCWG) 2012. <https://www.interpol.int/Crime-areas/Environmental-crime/Committee-and-Working-Groups/Wildlife-Crime-Working-Group>
15. IYENGAR, A.: Forensic DNA analysis for animal protection and biodiversity conservation: A review. *J. Nat. Conserv.*, 2014. 22. 195–205.
16. JOHNSON, R. N. – WILSON-WILDE, L. – LINACRE, A.: Current and future directions of DNA in wildlife forensic science. *Forensic Sci. Int. Genet.*, 2014. 10. 1–11.
17. JAN, C. – FUMAGALLI, L.: Polymorphic DNA microsatellite markers for forensic individual identification and parentage analyses of seven threatened species of parrots (family Psittacidae). *Peer J*. 2016. 4: e2416. doi:10.7717/peerj.2416.
18. KANTHASWAMY, S.: Review: domestic animal forensic genetics – biological evidence, genetic markers, analytical approaches and challenges. *Anim. Genet.*, 2015. 46. 473–484.
19. VAN HOPPE, M. J. C. – DY, M. A. V. et al.: SkydancerPlex: A novel STR multiplex validated for forensic use in the hen harrier (*Circus cyaneus*). *Forensic Sci Int Genet*. 2016. 22. 100–109.
20. KOVÁCS, G. – PÁDÁR, Z.: Misinterpretation of sample contamination in a Hungarian casework. *Forensic Sci. Int. Genet., Supplement Series* 2015. 5. e425–e427
21. KROJEROVÁ–PROKEŠOVÁ, J. – BARANČEKOVÁ, M. – KOUBEK, P.: Admixture of Eastern and Western European Red Deer Lineages as a Result of Postglacial Recolonization of the Czech Republic (Central Europe). *J. Hered.* 2015. 106. 375–385.
22. KUZNETSOVA, M. V. – DANILKIN, A. A. – KHOLODOVA, M. V.: Phylogeography of red deer (*Cervus elaphus*): Analysis of MtDNA cytochrome b polymorphism. *Biol. Bull. Russ. Acad. Sci.*, 2012. 39. 323.
23. LINACRE, A. – GUSMÃO, L. et al.: ISFG: recommendations regarding the use of non-human (animal) DNA in forensic genetic investigations. *Forensic Sci. Int. Genet.*, 2011. 5. 501–505.
24. MANEL, S. – BERTHIER, P. – LUIKART, G.: Detecting Wildlife Poaching: Identifying the Origin of Individuals with Bayesian Assignment Tests and Multilocus Genotypes. *Conserv. Biol.*, 2002. 16. 650–659.
25. MARŠÁLKOVÁ, L. – ŽIDEK, R. et al.: Genetic diversity and relatedness among seven red deer (*Cervus elaphus*) populations. *Potravinarstvo Slovak J. Food Sci.*, 2014. 8. 54–58.
26. MERCK, M.D.: Special Considerations in Animal Cruelty Cases. *Veterinary Forensics: Animal Cruelty Investigations*. Blackwell Publishing Ltd. ISBN: 978-0-8138-1501-5 2007. 65–68.
27. MUNRO, A.: Red deer poacher first to be caught by DNA test. *The Scotsman* 2015. <http://www.scotsman.com/news/environment/red-deer-poacher-first-to-be-caught-by-dna-test-1-3680525>
28. NAGY Zs. B. – RZEPIEL A. – SZABÁRA Á. – HELTAI M. – CSÁNYI S. – LEHOTZKY P. – ÓZSVÁRI L.: Az aranysakál (*Canis aureus*) magyarországi előfordulása, genetikai térképezésének fontossága és génbankjának felhasználási lehetőségei. *Magy. Állatorvosok Lapja* 2013. 135. 149–158.
29. O'DONOGHUE, P. – RUTZ, C.: Real-time anti-poaching tags could help prevent imminent species extinctions. *J. Appl. Ecol.*, 2016. 53. 5–10.
30. OGDEN, R. – DAWNAY, N. – McEWING, R.: Wildlife DNA forensics – bridging the gap between conservation genetics and law enforcement. *Endang. Species Res.*, 2009. 9. 179–195.
31. OGDEN, R.: Unlocking the potential of genomic technologies for wildlife forensics *Mol. Ecol. Resour.*, 2011. 11. 109–116.
32. PÁDÁR Z. – EGYED B. – KONTADAKIS K. – ZÖLDÁG L. – FEKETE S.: Resolution of parentage in dogs by examination of microsatellites after death of putative sire: Case report. *Acta Vet Hung.* 2001. 49. 269–273.
33. PÁDÁR, Z. – ANGYAL, M. – EGYED, B. – FÜREDI, S. – WOLLER, J. – ZÖLDÁG, L. – FEKETE, S.: Canine microsatellite polymorphisms as the resolution of an illegal animal death case in a Hungarian Zoological Gardens. *Int. J. Legal Med.*, 2001. 115. 79–81.
34. RAMÓN-LACA, A. – LINACRE, A. M. T. et al.: Identification multiplex assay of 19 terrestrial mammal species present in New Zealand. *Electrophoresis*, 2013. 34. 3370–3376.

35. Society for Wildlife Forensic Science (SWFS) 2009. <https://www.wildlifeforensicscience.org>
36. STROUD, R. K.: Wildlife forensics and the veterinary practitioner *J. Exotic Pet Med.*; 1998. 7. 182–192.
37. SUGÁR, L.: A gímszarvas állomány csökkentés mértéke, üteme és módja. A vadgazdálkodás időszerű kérdései. 1. Gímszarvas. *Országos Magyar Vadászkamara*, 2003. 42–47.
38. SZABOLCSI, Z. – EGYED, B. – ZENKE, P. – PADAR, Z. – BORSY, A. – STEGER, V. – PASZTOR, E. – CSANYI, S. – BUZAS, Zs. – OROSZ, L.: Constructing STR Multiplexes for Individual Identification of Hungarian Red Deer. *J. Forensic Sci.*, 2014. 59. 1090–1099.
39. SZABOLCSI, Z. – EGYED, B. – ZENKE, P. – BORSY, A. – PADAR, Z. – ZÖLDÁG, L. – PASZTOR, E. – RASKÓ, I. – BUZAS, Zs. – OROSZ, L.: Genetic identification of red deer using autosomal STR markers. *Forensic Sci. Int. Genet. Supplement Series*, 2008. 1. 623–624.
40. TAKÁCS A. – SZEMETHY L. – HELTAI M. – TAKÁCS A. A.: Adatok magyarországi vadászterületeken előforduló vadmacskák (*Felis silvestris* Schreber 1777) valamint a házimacskával (*Felis catus* L. 1758) történt keresztezéseik parazitológiai állapotáról. *Magy. Állatorvosok Lapja*, 2011. 133. 670–674.
41. TAKÁCS A. – SZEMETHY L. – TAKÁCS A. A. – TAKÁCS P. T. – HELTAI M.: Adatok az eurázsiai borz (*Meles meles*) parazitákkal való fertőzöttségéről Magyarországon. *Magy. Állatorvosok Lapja*, 2012. 134. 106–110.
42. TOBE, S. S. – LINACRE, A. M. T.: A multiplex assay to identify 18 European mammal species from mixtures using the mitochondrial cytochrome b gene. *Electrophoresis*, 2008. 2. 340–347.
43. URSING, B. M. – ARNASON, U.: *Sus scrofa* complete mitochondrial DNA. *GenBank: AJ002189.1* 1998.
44. WADA, K. – NAKAMURA, M. et. al.: *Cervus elaphus* mitochondrial DNA, complete genome. *GenBank: AB245427.2* 2005.
45. WILSON-WILDE, L.: Wildlife crime: a global problem. *Forensic Sci. Med. Pathol.*, 2010. 6. 221–222.
46. YADAV, S. – DIXIT, A. K.: Forensic approaches in the solution of wildlife crime. *Int. J. Multidisciplinary Res. Dev.*, 2016. 3. 89–93.
47. ZENKE, P. – EGYED, B. – PÁDÁR, Z. – KOVÁCS, G.: Increasing relevance of non-human genetics in Hungarian forensic practice. *Forensic Sci. Int. Genet. Supplement Series*, 2015. 5 e250–252.
48. ZSOLNAI, A. – LEHOCZKY, I. – GYURMÁN, A. – NAGY, J. – SUGÁR, L. – ANTON, I. – HORN, P. – MAGYARY, I.: Development of eight-plex microsatellite PCR for parentage control in deer. *Arch. Tierz.*, 2009. 52. 143–149.
49. 13/2001. (V. 9.) KöM rendelet: Védett fajok listája 2001. http://www.termeszetvedelem.hu/index.php?pg=sub_685
<http://greenfo.hu/adatbazisok/vedett-veszelyeztetett-fajok>
50. 2012. évi C. törvény A Büntető Törvénykönyvről. XXIII. fejezet 245. § (az orvvadászatról). 2012.
Közlésre érke.: 2017. márc. 13.