

**УНИВЕРЗИТЕТ У БАЊОЈ ЛУЦИ**  
**ОЈ ПРИРОДНО-МАТЕМАТИЧКИ ФАКУЛТЕТ**  
**СТУДИЈСКИ ПРОГРАМ БИОЛОГИЈА**  
Младена Стојановића 2, 78 000 Бања Лука  
Република Српска

**II СИМПОЗИЈУМ БИОЛОГА**  
**РЕПУБЛИКЕ СРПСКЕ**

**ПРОГРАМ РАДА**  
**И**  
**ЗБОРНИК САЖЕТАКА**

*(Programme and Abstracts)*

**БАЊА ЛУКА, 4. – 6. новембар 2010. године**

## ГЕНЕТИЧКИ ДИВЕРЗИТЕТ ДИВЉИХ СВИЊА У ЛОВИШТИМА ВОЈВОДИНЕ

Михајла Ђан, Невена Величковић, Драгана Обрехт, Љиљана Вапа

Департман за биологију и екологију, Природно-математички факултет,  
Универзитет у Новом Саду, Трг Доситеја Обрадовића 2, 21000 Нови Сад,

### Abstract

**МИХАЈЛА DJAN, NEVENA VELIČKOVIĆ, DRAGANA OBREHT, LJILJANA VAPA: GENETIC DIVERSITY OF WILD BOARS IN HUNTING AREAS IN VOJVODINA.** [Department of Biology and Ecology, Faculty of Sciences, University of Novi Sad, Trg Dositeja Obradovica 2, 21000 Novi Sad, Serbia]

The wild boar is an important wildlife species, in both economical and ecological terms. Its widespread recovery across Europe during the last 50 years has raised concerns about the management of this species. Knowledge of species genetic diversity and structure is the basis for adequate wildlife management and conservation. The primary objective of this study was an estimation of genetic diversity of wild boars populations in hunting areas in Vojvodina. Muscle tissue samples were collected, and samples were pooled to three geographical regions: Backa, Banat and Srem, subsequently termed "populations". The sample included individuals of both sexes and different age classes. Five microsatellite loci, previously shown as high polymorphic, were selected. A total of 54 different alleles were found at the five analysed loci (from 4 to 18; mean 10.8 alleles per locus). The observed heterozygosity ( $H_o$ ) values at each locus were between 0.42 and 0.77 with a mean of 0.61. Deviation from Hardy-Weinberg equilibrium was found due to significant heterozygote deficiency detected for three of five loci, and for Backa and Srem populations. The overall  $F_{IS}$  in the population was 0.1519, and the effective number of migrants based on private alleles was 2.596, indicating fair amount of gene flow between all populations.

**Key words:** microsatellite, wild boar, genetic diversity

### Сажетак

Дивља свиња је економски и еколошки веома важна врста дивљачи. С обзиром на широко распрострањење и експанзију широм Европе у последњих 50 година јавила се потреба за развојем стратегије менаџмента ове врсте. Познавање генетичког диверзитета и структуре врсте је основа за развој адекватног менаџмента природних популација и конзервацију. Циљ овог рада био је процена генетичког диверзитета у популацијама дивљих свиња у ловиштима Војводине. Сакупљени су узорци мишићног ткива дивљих свиња, и груписани у три географска региона: Бачка, Банат и Срем, третираних као "популације". Узорак су чиниле јединке оба пола и различитих старосних група. За анализу је одабрано пет микросателитских локуса, за које је претходно утврђено да показују висок ниво полиморфности. У пет анализираних локуса нађено је 54 различита алела (од 4 до 18 алела; просечно 10,8

алела по локусу). Уочена хетерозиготност по локусу кретала се од 0,42 до 0,77, са просечном вредности 0,61. Уочено је одступање од Харди-Вајнбергове равнотеже, услед статистички значајног смањења хетерозигота у три од пет локуса, као и у популацијама Бачке и Срема. Коефицијент инбридинга  $F_{IS}$  у анализираном узорку био је 0,1519, а ефективан број миграната израчунат на основу јединствених алела 2,596, што указује на релативно велик проток гена између свих популација.

**Кључне речи:** микросателити, дивља свиња, генетички диверзитет

УНИВЕРЗИТЕТ У БАЊОЈ ЛУЦИ  
ОД ПРИРОДНО-МАТЕМАТИЧКЕ ФАКУЛТЕТ  
СТУДИЈСКИ ПРОГРАМ БИОЛОГИЈА  
Младена Стојановића 1, 78 000 Бања Лука  
Република Српска

II СИМПОЗИЈУМ БИОЛОГА  
РЕПУБЛИКЕ СРПСКЕ

ПРОГРАМ РАДА  
И  
ЗБОРНИК САЖЕТАКА

*(Programme and Abstracts)*