

Актуальные вопросы создания и применения банков ДНК для целей криминалистики и смежных дисциплин

М. В. Спринджук, аспирант, научный сотрудник

E-mail: stepanenkomatvei@yandex.ru

ORCID ID: 0000-0001-9500-2954

Объединенный институт проблем информатики НАН Беларуси,
ул. Сурганова, 6, 220012, г. Минск, Беларусь

Л. П. Титов, д. м. н., профессор, член-корреспондент НАН Беларуси,
заведующий лабораторией иммунологии

E-mail: leonidtitov@tut.by

Объединенный институт проблем информатики НАН Беларуси

А. П. Кончиц, к. б. н., научный сотрудник

E-mail: konchits@yandex.ru

Объединенный институт проблем информатики НАН Беларуси

Аннотация. В статье-обзоре литературы приводятся основные сведения, касающиеся функционирования, разработки, развития и внедрения технических, лабораторных и кибернетических средств анализа и обработки геномных данных, предназначенных для улучшения результатов работы ряда криминалистических и судебно-медицинских служб, что имеет весомое значение для обеспечения безопасности граждан СНГ.

Ключевые слова: геномика; банк ДНК; короткие tandemные повторы; криминалистика; биомаркеры; идентификации личности

Для цитирования: Спринджук, М. В. Актуальные вопросы создания и применения банков ДНК для целей криминалистики и смежных дисциплин / М. В. Спринджук, Л. П. Титов, А. П. Кончиц // Цифровая трансформация. – 2019. – № 1 (6). – С. 49–59. <https://doi.org/10.38086/2522-9613-2019-1-49-59>



© Цифровая трансформация, 2019

Challenging Questions of Development and Application of DNA Banks for the Purposes of Criminology and Related Disciplines

M. V. Sprindzuk, Graduate student, Researcher

E-mail: stepanenkomatvei@yandex.ru

United Institute of Informatics Problems of the National Academy of Sciences of Belarus (UIIP NASB), 6 Surganova Str., 220012 Minsk, Belarus

L. P. Titov, Dr. Sc. (Medicine), Professor, Corresponding member of the NASB, Head of the Laboratory of Immunology

E-mail: leonidtitov@tut.by

United Institute of Informatics Problems of the National Academy of Sciences of Belarus (UIIP NASB), 6 Surganova Str., 220012 Minsk, Belarus

A. P. Konchits, Candidate of Sciences (Biology), Researcher

E-mail: konchits@yandex.ru

United Institute of Informatics Problems of the National Academy of Sciences of Belarus (UIIP NASB), 6 Surganova Str., 220012 Minsk, Belarus

Abstract. Review article presents essential information on DNA databases, forensic genomics for human identification and suspect characteristics. Author reports the essential information on the topic of forensic DNA databases and data processing. DNA databases are important tools for the improvement of performance of the security organizations and services with a final goal of national security enhancement.

Key words: genomics; DNA bank; short tandem repeats; criminalistics; biomarkers; identity; criminology

For citation: Sprindzuk M. V., Titov L. P., Konchits A. P. Challenging Questions of Development and Application of DNA Banks for the Purposes of Criminology and Related Disciplines. *Cifrovaja transformacija* [Digital transformation], 2019, 1 (6), pp. 49–59 (in Russian). <https://doi.org/10.38086/2522-9613-2019-1-49-59>

© Digital Transformation, 2019

Введение. Назначение и обоснование разработки баз данных ДНК. Создание и разработка современных баз данных (БД) ДНК необходимы для осуществления следующих задач и целей:

- 1) увеличения шансов на успешное раскрытие преступлений;
- 2) увеличения числа раскрываемых преступлений;
- 3) повышения скорости расследования преступлений;
- 4) сокращения времени, потраченного полицией на расследование преступлений;
- 5) сопоставления данных с нераскрытыми преступлениями;
- 6) идентификации ранее ложно идентифицированных биологических объектов, имеющих судебно-медицинское значение [1].

Базы ДНК для целей криминалистики, смежных дисциплин и органов безопасности существуют ещё не во всех странах.

Двадцатилетний опыт изучения и практического применения ДНК-маркеров, имеющих судебно-медицинское значение, доказал значимость этой научной темы и позволил сформировать задачи для дальнейших действий.

Результаты и опыт работы криминалистических лабораторий, а также соответствующие алгоритмы, методики, модели, описание технологий ДНК-анализа для специфических целей криминалистики, генеалогии, судебной медицины, клинической геномики, антропологии и археологии глубоко изучены рядом ученых и лабораторий мира, что отражено в недавно опубликованных книгах, монографиях и обзорных статьях [1–17].

Архитектура баз данных ДНК преступников и подозреваемых, технологии таких информационных хранилищ, используемые алгоритмы обработки текстов и сопоставления данных в доступной литературе освещены скудно. Имеются единичные публикации, сообщающие результаты разработки программных комплексов с открытым кодом, предназначенных для анализа микросателлитных карт геномных маркеров [18] и программного обеспечения, специально пред-

назначенного для вычислительных операций в сфере криминологии [19].

Наиболее развитые базы данных ДНК принадлежат ФБР (CODIS, *Combined DNA index system*, США) [12], службам безопасности Нидерландов (база данных ДНК и программное обеспечение *Vonaparte*) [20], специальным службам и полиции Англии — Национальная база данных ДНК Великобритании [21–27]. Рекомендации по разработке и управлению ДНК базами данных сформулированы ассоциацией криминологов и судебных медиков и опубликованы на сайте <http://enfsi.eu>.

Основная часть. Обоснование предлагаемого набора STR-маркеров для базы данных ДНК Беларуси. Основные типы геномных маркеров, имеющих значение для криминалистики и судебной медицины, приведены в таблице 1. Алгоритм обработки ДНК представлен на рисунке 1. Увеличение числа типов КТП (коротких tandemных повторов) и маркеров ОНП (одиночных нуклеотидных полиморфизмов) способствует более точной генетической экспертизе. В мире имеется тенденция расширять спектр маркеров судебно-медицинской экспертизы, что необходимо учитывать при разработке местных информационных систем. Безусловно количество маркеров может быть ограничено по причине лимитов финансирования. ФБР добавила новые маркеры D1S1656, D2S441, D2S1338, D10S1248, D12S391, D19S433, D22S1045. Они применяются в судебно-медицинской и криминалистической практике США с января 2017 года. Подробно ознакомиться с содержанием маркерной панели БД ФБР CODIS можно свободно на сайте <https://strbase.nist.gov/fbicore.htm>.

Обоснование выбора контингента доноров ДНК для наполнения базы данных. Донорами ДНК могут быть следующие биологические объекты:

- 1) лица, совершившие тяжкие и особо тяжкие преступления, связанные с причинением вреда здоровью и имуществу других граждан. Перечень преступлений должен быть перечислен в соответствии с существующей номенклатурой;

Таблица 1. Геномные маркеры идентификации (ССП — секвенирование следующего поколения) [51]
 Table 1. Genomic identification markers (NGS — next generation sequencing) [51]

Маркеры	Преимущества и недостатки для судебной экспертизы	Преимущества ССП (NGS)	Недостатки ССП (NGS)
Аутосомные КТП	<ul style="list-style-type: none"> – Высокая дискриминирующая сила. – Низкий уровень мутаций. – Легко включать в базы данных. 	<ul style="list-style-type: none"> – Определение в смешанных образцах и легкость вычисления пропорций (% чтений). 	<ul style="list-style-type: none"> – Значительно дороже. – Трудно использовать мультиаллельные КТП по причине длины чтений. – Огромный объем данных, трудность хранения и статистических расчетов.
Аутосомные ОНП	<ul style="list-style-type: none"> – Меньшая дискриминирующая сила, чем у КТП, но очень полезны в трудных случаях компромированных образцов. 	<ul style="list-style-type: none"> – Можно определить миллионы ОНП (происхождения, этнографии, фенотипа). – Определяются в смешанных образцах с высоким числом чтений. – Имеются специальные технологические комплекты. 	<ul style="list-style-type: none"> – Дороже, но, в зависимости от числа, цена может быть одинаковой, как и при работе с другими маркерами.
Y-хромосомные КТП	<ul style="list-style-type: none"> – Низкая дискриминирующая сила. – Возможны проблемы с вычислениями популяционной статистики. 	<ul style="list-style-type: none"> – Определение в смешанных образцах и легкость вычисления пропорций (% чтений). 	<ul style="list-style-type: none"> – Значительно дороже. – Трудно использовать мультиаллельные КТП по причине длины чтений. – Высокое число повторов последовательностей осложняет анализ. – Огромный объем данных, трудность хранения и статистических расчетов.
Митохондриальные ОНП	<ul style="list-style-type: none"> – Высокое число копий. – Лучше подходят для старых и поврежденных образцов материала. – Имеют сравнительно низкую дискриминирующую силу. 	<ul style="list-style-type: none"> – Легкость анализа полных митохондриальных геномов. – Имеется много технологических комплектов. 	

2) лица, подозреваемые в совершении преступлений;

3) добровольцы, которые могут быть никогда не судимыми или ранее приговоренными к мерам наказания и лишению свободы;

4) домашние и дикие животные, другие живые существа.

Значение ДНК образцов таких доноров имеет все большее значение при раскрытии целого ряда преступлений.

В Великобритании у всех арестованных лиц выполняется забор ДНК путем соскоба клеток со слизистой щеки [21–27].

Технические средства разработки и анализа базы данных ДНК. Практический смысл имеет собрать все паспортные, социальные и геномные данные в стабильную надежную базу данных, основанную на современных технологиях хранения, доступа и защиты информации. Для этого можно использовать как традиционные реляционные



Рис. 1. Алгоритм обработки ДНК для целей судебной экспертизы
 Fig. 1. DNA Processing Algorithm for Forensic Examination

технические средства разработки БД, такие как MySQL и PostgreSQL, так и более современные NoSQL технологии (MongoDB, Cassandra и т. п.). Нужно отметить, что сегодня реально разработать и мобильные приложения под наиболее популярные платформы (Android, IOS, Windows mobile) для хранения данных, а также для ввода и поиска необходимой информации. База данных ДНК может иметь общедоступный интерфейс, реализованный современными средствами кодов и библиотек Javascript, HTML и размещаться как веб-сайт на основе систем управления контентом или как разработанный веб-сайт на основе существующих устойчивых перед уязвимостями фреймворков. Часть геномной информации можно сделать доступной только для авторизованных лиц.

Особое практическое и научное значение может иметь интеграция баз данных стран СНГ с аналогичными хранилищами геномных и паспортных данных других стран. Технически такая интеграция может быть осуществлена с помощью разработки стандарта представления данных карточки доноров ДНК.

В 21 веке на смену настольным (*desktop databases*) базам данных (Microsoft Access, FileMaker, Visual Basic, FoxPro, Delphi/C++ Borland, Qt/C++, WxPython, RubyTK) пришли веб-системы с возможностями хранения данных в облачных хранилищах. Сейчас эти технологии применяются реже. Все чаще разработчики программного обеспечения предпочитают компилируемому языку программирования (C++ и C#), интерпретируемые

(Python или Ruby). Эти языки и имеющие к ним отношение технологии и фреймворки конкурируют с наиболее распространенными языками программирования, которыми являются Java и PHP. Необходимо отметить, что существуют драйверы и другие компоненты инфраструктуры для использования БД, написанных на любом популярном языке программирования. Огромное распространение языков программирования Python и Ruby обусловлено их уникальной лаконичностью, ясностью синтаксиса и наличием большого количества готовых модулей. Они позволяют разрабатывать программное обеспечение быстрее и более высокого качества, но с некоторой потерей скорости запуска приложений по сравнению с языками C/C++. Использование интернет-ориентированных веб-систем позволяет применять ресурсы серверов и облачных хранилищ, пользоваться набором стандартных веб-технологий, таких как Javascript и его библиотеки JQuery и AngularJS, HTML5, использовать БД MySQL, PostgreSQL, SQLite, OracleDB, MongoDB и многие другие полезные ресурсы.

Огромное наследие математического аппарата, реализованного в программных кодах библиотек и различных расширений, позволяет сегодня разрабатывать программные комплексы с меньшими затратами человеческих и машинных ресурсов. Для обработки данных КТП и ОПН существует специальное программное обеспечение: NextGene, Mutation Surveyor [28], CLC Genomics Workbench, DNA Star, Ugene [29–35], JMP Genomics, Illumina Studio, STRUCTURE [30, 36], OmniPop, GenePop, Arlequin [<http://cmpg.unibe.ch/software/arlequin35/>] и ресурсы бесплатных библиотек языков R (пакет-модуль GeneLand), BioPython, Java, Ruby, Perl, C++.

Применение геномных маркеров для целей криминалистики. На территории Беларуси и России проживает более 160 различных народностей и национальностей. Знание конкретных частот встречаемости ДНК маркеров различного типа у населения местной этнической принадлежности – необходимое условие корректного применения методов ДНК анализа при идентификации личности и биологических следов (Е. Исаева и др., 2011) [37].

ДНК-анализ КТП широко применяется в лабораториях по всему миру для задач практической судебной экспертизы. Разработан целый ряд лабораторных технологических комплексов, использующих различные генетические маркеры [38, 39].

Помимо стандартных стационарных технологических комплексов ДНК-анализа для целей

судебной экспертизы (таблица 2, рисунок 2), разработаны переносные мобильные системы, основанные на Agilent 2100 биоанализаторе [40, 41].

Для изучения и вычисления филогенеза используются локусы КТП TPOX, FES, vWA, F13A и Tho1 [42]. Имеются публикации об успешном применении 11 нестандартных аутосомных локусов (D21S1437, D22S683, D8S1110, D10S2325, D12S1090, D17S1294, D3S1744, D14S608, D20S470, D18S536, D13S765) для изучения этногеографического статуса жителей Бангладеша [43].

Для идентификации деградированного ДНК в случае изучения генетической и родовой принадлежности используют быстро мутирующие Y-КТП [Rapidly mutating Y-chromosomal short tandem repeats (RM Y-STRs)] [44].

Ф. Мессина и соавторы показали сравнительную эффективность маркеров тетра nukлеотидных КТП TH01, D19S433, FGA, D3S1358 для целей популяционной генетики и судебной экспертизы [45].

Б. Бадоул и А. Ван Даал (лаборатория ФБР, 2008) предложили разделить классы значимых для криминалистики одиночных нуклеотидных полиморфизмов (ОНП) на четыре категории:

1) ОНП для тестирования идентификации биологических объектов (*Identity-testing SNPs*). Эти маркеры требуют высокой гетерозиготности и низкого коэффициента инбридинга.

2) ОНП родословной (*Lineage informative SNPs*). Представляют собой множество тесно связанных между собой ОНП, которые функционируют как гаплотипные маркеры. Меньше других подвержены рекомбинациям и мутациям. Их применяют для идентификации пропавших без вести путем сопоставления общих черт генома с родственниками.

3) ОНП происхождения (*Ancestry informative SNPs*, подразумевается линия происхождения вне семьи субъекта). Маркеры используются для определения биогеографического этноса индивидуума. Они требуют низкого уровня гетерозиготности и требовательны к другим параметрам популяционной генетики.

4) Фенотипически информативные ОНП (*Phenotype informative SNPs*, маркеры внешности субъекта розыска или идентификации). Назначение таких маркеров — установление высокой вероятности, что субъект расследования обладает определенным набором черт внешности, включающим цвет кожи, волос, глаз и т. п. Данная группа геномных маркеров имеет особое значение для раскрытия преступлений, когда необходимо поделиться с отбором подозреваемых лиц. Гены, от-

Таблица 2. Основные лабораторные технологии анализа ДНК для целей криминалистики и судебной медицины [51]
 Table 2. Basic laboratory DNA analysis technologies for the purposes of forensic science and forensic medicine [51]

Платформа	Применение	Комплект	Маркеры
Ion Torrent (PGM)	<p>Анализ следов ДНК и ДНК высокой степени разложения</p> <p>Выяснение принадлежности к семье или роду</p> <p>Анализ ДНК трупных останков для поиска лиц в розыске</p> <p>Более эффективно для анализа смесей ДНК</p>	<p>HID-Ion AmpliSeq Identity Panel</p> <p>HID-Ion AmpliSeq Ancestry Panel</p>	<p>124 аутосомных маркеров (34 одиночных полиморфизмов с привязкой к Y хромосоме и 90 одиночных чисто аутосомных полиморфизмов (ОП))</p>
Illumina (MiSeq)	<p>ДНК тестирование для практической криминалистики</p> <p>ДНК профилирование для судебно-медицинских баз данных</p> <p>Анализ митохондриального ДНК для идентификации лиц в розыске</p> <p>Идентификация жертв катастроф и стихийных бедствий</p>	<p>ForenSeq DNA Signature Prep Kit</p> <p>Nextera XT DNA Library Prep Kit: анализирует D-петлю гипервариабельной области митохондриального ДНК</p> <p>Nextera XT DNA Library Prep Kit: анализирует митохондриальную ДНК</p> <p>Используется комбинация ForenSeq DNA Signature Prep Kit и Nextera XT DNA Library Prep Kit</p>	<p>200 генетических маркеров: 27 основных аутосомных коротких tandemных повторений (КТП), 24-н КТП, 7 X-КТП, 95 ОНП идентификации, 22 ОНП фенотипа и 56 биогеографического происхождения</p> <p>Для трудных случаев и для амплификации / усиления 4 пересекающихся фрагментов, распространяющихся на гипервариабельные области</p> <p>Для чистых интактных образцов ДНК и усиления 2 длинных фрагментов, распространяющихся через весь митохондриальный геном человека (16 569 пар оснований)</p>

ветственные за экспрессию пигментов — это MC1R, R151C, R160W, D294N, R307G, MATP, TYR [46].

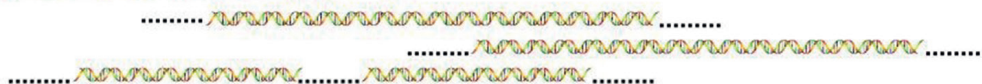
Имеются данные о том, что 99,1 % генома одинаково у всех людей, именно эта часть и отвечает за принадлежность к биологическому виду Homo Sapiens. Остальная часть генома человека, составляющая 0,9 % называется по определению полиморфной, к этой части относятся КТП и ОПН,

имеющие значение для криминалистики и судебной медицины [47].

Известно, что 85 % вариаций генома человека находится и отображено в ОНП [46, 48].

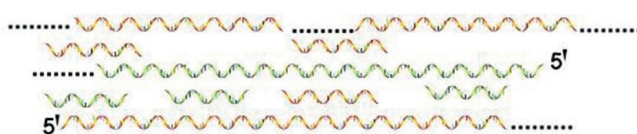
ОНП можно применять в тех случаях, когда для КТП не удастся собрать ДНК подходящего качества и объема. Такая ситуация бывает в случаях разложения ДНК по причине давнего срока смер-

1. Выделение ДНК для амплификации



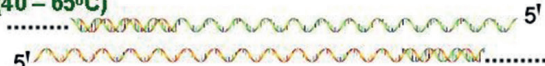
2. Добавление специфических олигонуклеотидных праймеров, термостабильной ДНК полимеразы и нуклеотидных трифосфатов

2a. Денатурация ДНК (95°C)



Повторение
необходимого
количества циклов

3b. Удаление олигонуклеотидных праймеров (40 – 65°C)



3c. Синтез новых копий нитей ДНК с использованием ДНК полимеразы (72°C)



Рис. 2. Схема ПЦР (полимеразной цепной реакции ДНК)
Fig. 2. Scheme of PCR (polymerase chain reaction of DNA)

ти биологического субъекта или в связи с воздействиями внешней среде.

Мутации типа *Вставка-удаление* (INDEL = insertion/deletion) можно классифицировать следующим образом (А. Зидкова и соавторы, 2013):

- 1) вставки или удаления одиночных пар нуклеотидов;
- 2) мономерные расширения пар нуклеотидов;
- 3) многомерные расширения с единицами повтора в 2–15 пар оснований;
- 4) вставки транспозонов;
- 5) вставки/удаления, содержащее случайные ДНК последовательности размером от 2 до 10 000 пар оснований в длину. Приблизительно 40 % всех инделов принадлежит к этому классу мутаций, причем 99 % из них имеют длину короче 100 пар нуклеотидных оснований [48].

И. Хэлдер и соавторы (2009) продолжили рассчитывать частоту аллелей отобранных генов-маркеров по формуле (1):

$$\delta_c = 1/2 \times \sum_{i=1}^n |f_{iA} - f_{iB}|, \quad (1)$$

где δ_c — составной, композитный показатель, расширение двуаллельного показателя, представляет разницу в частотах аллелей двух популяций в случае мультиаллельных генов, f_{iA} и f_{iB} — частоты

i -того аллеля внутри двух популяций A и B , которые сравниваются по локусам генов [49].

В. А. Степанов и соавторы (2011) впервые с использованием панели из 15 генетических маркеров, применяемых для ДНК-идентификации и в судебно-медицинской экспертизе, охарактеризовали 17 популяций Российской Федерации. Исследователями была определена степень полиморфизма и популяционной изменчивости в российских популяциях микросателлитных локусов, входящих в набор PowerPlex 16 («Promega»): распределение аллелей и генотипов в популяциях шести городов и 11 этнических группах РФ; уровни внутри межпопуляционной генетической дифференциации населения; генетические взаимоотношения между популяциями; идентификационные и судебно-медицинские характеристики изученной системы маркеров. Авторами были выявлены значительные отличия российских популяций от референтной базы США, используемой в настоящее время в практике судебной экспертизы РФ. Российскими учёными и программистами создана база данных по частотам аллелей 15 микросателлитных локусов, применяемых в ДНК-идентификации и судебной медицине, которая может стать референтной для проведения судебно-медицинских экспертиз в России. Была обнаружена пространственная организация генетического разнообразия по панели

КТП-маркеров, используемых для ДНК-идентификации, отражающая общие закономерности географической кластеризации популяций человека по генетическим маркерам различного типа; обоснована необходимость учета популяционно-генетической структуры населения при судебно-медицинских исследованиях и ДНК-идентификации личности в криминалистике [50].

Заключение. В обзоре представлено обоснование значения разработки, развития и внедрения технических, лабораторных и математических средств анализа и обработки геномных данных для улучшения работы ряда криминалистических и судебно-медицинских служб и, в конечном итоге, для улучшения качества безопасности и жизнедеятельности граждан СНГ.

Список литературы

1. ENFSI. DNA database management review and recommendations, 2016. 14 [Электронный ресурс]. – Режим доступа: http://enfsi.eu/wp-content/uploads/2016/09/final_version_enfsi_2016_document_on_dna_database_management_0.pdf. – Дата доступа: 21.10.2018.
2. Frudakis, T.N. Molecular photofitting: predicting ancestry and phenotype using DNA / T. N. Frudakis. – Amsterdam; Boston: Elsevier/Academic Press, 2008. – xiv, 695 p.
3. Balding, D. J. Weight-of-evidence for forensic DNA profiles / D. J. Balding – Hoboken, N.J.: John Wiley & Sons, 2005. – X, 184 p.
4. Belair, R. R., United States. Bureau of Justice Statistics., Search Group. Forensic DNA analysis: issues / R. R. Belair – Washington, D.C.: U.S. Dept. of Justice, Office of Justice Programs, Bureau of Justice Statistics, 1991. – 32 p.
5. Buckleton, J. S., Triggs, C. M., Walsh, S. J. Forensic DNA evidence interpretation / J. S. Buckleton, C. M. Triggs, S. J. Walsh – Boca Raton: CRC Press, 2005. – 534 p.
6. Butler, J. M. Advanced topics in forensic DNA typing: methodology / J. M. Butler – Waltham, MA: Elsevier/Academic Press, 2012. – XVII, 680 p.
7. Goodwin, W. Forensic DNA typing protocols. Second edition / W. Goodwin – New York: Humana Press, 2016. – X, 298 p.
8. Differential pre-amplification of STR loci for fragmented forensic DNA profiling / S. K. Ham // Electrophoresis. – 2016. – Vol 37, № 22. – PP. 3002–3009.
9. Hindmarsh, R.A., Prainsack, B. Genetic suspects: global governance of forensic DNA profiling and databasing / R. A. Hindmarsh, B. Prainsack. – Cambridge; New York: Cambridge University Press, 2010. – XXV, 343 p.
10. An integrated system of ABO typing and multiplex STR testing for forensic DNA analysis / Jiang, X. [et al.] // Forensic Sci Int Genet. – 2012. – Vol 6, № 6. – PP. 785–797.
11. Lincoln, P.J., Thomson, J. Forensic DNA profiling protocols / P. J. Lincoln. J. Thomson – Totowa, N. J.: Humana Press, 1998. – X, 309 p.
12. Population data on the expanded CODIS core STR loci for eleven populations of significance for forensic DNA analyses in the United States / T.R. Moretti [et al.] // Forensic Sci Int Genet. – 2016. – Vol 25, – PP. 175–181.
13. National Institute of Justice (U.S.). Research and Development Working Group. National Commission on the Future of DNA Evidence (National Institute of Justice). The future of forensic DNA testing: predictions of the Research and Development Working Group. – Washington, D.C. (810 Seventh Street, N.W., Washington, 20531): U.S. Dept. of Justice, Office of Justice Programs, National Institute of Justice, 2000. – XI, 82 p.
14. National Research Council (U.S.). Committee on DNA Forensic Science: an Update. National Research Council (U.S.). Commission on DNA Forensic Science: an Update. The evaluation of forensic DNA evidence. – Washington, D.C.: National Academy Press, 1996. – XV, 254 p.
15. Primorac, D., Schanfield, M. S. Forensic DNA applications: an interdisciplinary perspective / D. Primorac, M. S. Schanfield. – XXV, 621 p.
16. Shewale, J.G., Liu, R.H. Forensic DNA analysis: current practices and emerging technologies / J. G. Shewale, R. H. Liu. – XVI, 405 p.
17. Developmental validation of forensic DNA – STR kits: Expressmarker 16+10Y and expressmarker 16+18Y / H. Zhou [et al.] // Forensic Sci Int Genet. – 2016. – Vol 24. – PP. 1–17.
18. Abouelhoda, M., El-Kalioby, M., Giegerich, R. WAMI: a web server for the analysis of minisatellite maps / M. Abouelhoda, M. El-Kalioby, R. Giegerich // BMC Evol Biol. – 2010. – Vol 10, – PP. 167.
19. Development and validation of open-source software for DNA mixture interpretation based on a quantitative continuous model / S. Manabe [et al.] // PLoS One. – 2017. – Vol 12, № 11. – PP. e0188183.
20. Sjerps, M., van der Geest, N., Pieron, C. et al. A Dutch population study of the STR Loci HUMTH01, HUMFES/FP5, HUMVWA31/1 and HUMF13A1, conducted for forensic purposes / M. Sjerps [et al.] // Int J Legal Med. – 1995. – Vol 108, № 3. – PP. 127–34.
21. Amankwaa, A. O., McCartney, C. The UK National DNA Database: Implementation of the Protection of Freedoms Act 2012 / A. O. Amankwaa, C. McCartney // Forensic Sci Int. – 2018. – Vol 284 – PP. 117–128.
22. Johnson, P., Williams, R. DNA and Crime Investigation: Scotland and the 'UK National DNA Database' / P. Johnson, R. Williams // Scott J Crim Justice Stud. – 2004. – Vol 10, – PP. 71–84.

23. Linacre, A. The UK National DNA Database / A. Linacre // *Lancet*. – 2003. – Vol 361, № 9372. – PP. 1841–1842.
24. Familial searching: a specialist forensic DNA profiling service utilising the National DNA Database to identify unknown offenders via their relatives in the UK experience / C. N. Maguire [et al.] // *Forensic Sci Int Genet*. – 2014. – Vol 8, № 1. – PP. 1–9.
25. Pascali, V. L., Lago, G., Dobosz, M. The dark side of the UK National DNA Database / V. L. Pascali, G. Lago, M. Dobosz // *Lancet*. – 2003. – Vol 362, № 9386. – PP. 834.
26. Revoir, A., Ballard, D. J., Syndercombe, D. Report into a discordant result at D16S539 between SGM Plus(R) and PowerPlex(R) ESI 16 kits in a criminal case sample and implications for the UK National DNA Database upgrade / A. Revoir, D. J. Ballard, D. Syndercombe // *Sci Justice*. – 2014. – Vol 54, № 1. – PP. 95–97.
27. Wallace, H. The UK National DNA Database. Balancing crime detection, human rights and privacy / H. Wallace // *EMBO Rep*. – 2006. – Vol 7. – PP. 26–30.
28. Minton, J.A., Flanagan, S.E., Ellard, S. Mutation surveyor: software for DNA sequence analysis / J. F. Minton, S. E. Flanagan, S. Ellard // *Methods Mol Biol*. – 2011. – Vol 688, – PP. 143–153.
29. Shared bioinformatics databases within the UGENE platform / I. V. Protsyuk // *J Integr Bioinform*. – 2015. – Vol 12, № 1. – PP. 257.
30. Liu, Y.-Y., Harbison, S. A review of bioinformatic methods for forensic DNA analyses / Liu Y.-Y., Harbison S. A. // *Forensic Science International: Genetics*. – 2018. – Vol 33. – PP. 117–128.
31. Unipro UGENE NGS pipelines and components for variant calling, RNA-seq and ChIP-seq data analyses / O. Golosova [et al.] // *PeerJ*. – 2014. – Vol 2, – P. e644.
32. Okonechnikov, K., Golosova, O., Fursov, M. Unipro UGENE: a unified bioinformatics toolkit / K. Okonechnikov, O. Golosova, M. Fursov // *Bioinformatics*. – 2012. – Vol 28. – № 8. – PP. 1166–1167.
33. Functional interaction of Ugene and EBV infection mediates tumorigenic effects / L. T. Wang [et al.] // *Oncogene*. – 2011. – Vol 30, № 26. – PP. 2921–2932.
34. ExpertDiscovery and UGENE integrated system for intelligent analysis of regulatory regions of genes / Y. Y. Vaskin [et al.] // *In Silico Biol*. – 2011. – Vol 11. – № 3–4. – PP. 97–108.
35. Ugene, a newly identified protein that is commonly overexpressed in cancer and binds uracil DNA glycosylase / C. Guo [et al.] // *Cancer Res*. – 2008. – Vol 68. – № 15. – PP. 6118–6126.
36. An overview of STRUCTURE: applications, parameter settings, and supporting software / L. Porras-Hurtado [et al.] // *Frontiers in Genetics*. – 2013. – Vol 4. – P. 98.
37. Исаева, Е. Н. Значение ДНК маркеров при судебно-медицинской экспертизе родства у этнических бурят Байкальского региона Восточной Сибири / Е. Н. Исаева, Ю. С. Исаев, И. Ж. Семинский, // *Сибирский медицинский журнал (Иркутск)*. – 2011. – Vol 104. – № 5. – PP. 25–27.
38. Mulero, J. J., Hennessy, L. K. Next-Generation STR Genotyping Kits for Forensic Applications / J. J. Mulero, L. K. Hennessy // *Forensic Sci Rev*. – 2012. – Vol 24. – № 1. – PP. 1–13.
39. Forensic STR analysis using massive parallel sequencing / C. Van Neste // *Forensic Sci Int Genet*. – 2012. – Vol 6, № 6. – Pp. 810–818.
40. Aboud, M.J. Ultrafast STR Separations on Short-Channel Microfluidic Systems for Forensic Screening and Genotyping / M. J. Aboud, M. Gassmann, B. McCord // *J Forensic Sci*. – 2015. – Vol 60. – № 5. – PP. 1164–1170.
41. Aboud, M.J. The development of mini pentameric STR loci for rapid analysis of forensic DNA samples on a microfluidic system / M. J. Aboud, M. Gassmann, B. McCord // *Electrophoresis*. – 2010. – Vol 31. – № 15. – PP. 2672–2679.
42. Agrawal, S. Reconstructing recent human phylogenies with forensic STR loci: a statistical approach / S. Argawal, S. Khan // *BMC Genet*. – 2005. – Vol 6. – PP. 47.
43. Forensic evaluation of 11 non-standard STR loci in Bangladeshi population / S. Akhteruzzaman // *Leg Med (Tokyo)*. – 2013. – Vol 15. – № 2. – PP. 106–108.
44. Rapidly mutating Y-STR analyses of compromised forensic samples / R. Alghafri // *Int J Legal Med*. – 2018. – Vol 132. – № 2. – PP. 397–403.
45. Enlarging the gene-geography of Europe and the Mediterranean area to STR loci of common forensic use: longitudinal and latitudinal frequency gradients / F. Messina [et al.] // *Ann Hum Biol*. – 2018. – Vol 45. – № 1. – PP. 77–85.
46. Budowle, B. A. Forensically relevant SNP classes / B. Budowle, A., van Daal // *Biotechniques*. – 2008. – Vol 44. – № 5. – PP. 603–610.
47. Giardina, E., Spinella, A., Novelli, G. Past, present and future of forensic DNA typing / E. Giardina, A. Spinella, G. Novelli // *Nanomedicine (Lond)*. – 2011. – Vol 6. – № 2. – PP. 257–270.
48. Application of the new insertion-deletion polymorphism kit for forensic identification and parentage testing on the Czech population / A. Zidkova [et al.] // *Int J Legal Med*. – 2013. – Vol 127. – № 1. – PP. 7–10.
49. Measurement of admixture proportions and description of admixture structure in different U.S. populations / I. Halder [et al.] // *Hum Mutat*. – 2009. – Vol 30. – № 9. – PP. 1299–1309.
50. Степанов, В. Характеристика популяций Российской Федерации по панели пятнадцати локусов, используемых для ДНК-идентификации и в судебно-медицинской экспертизе / В. Степанов [и др.] // *Acta Naturae (русскоязычная версия)*. – 2011. – Т. 3. – № 2. – С. 59–71.

References

1. ENFSI DNA database management review and recommendations, 2016. 14 [Electronic resource]. – Access Mode: URL: http://enfsi.eu/wp-content/uploads/2016/09/final_version_enfsi_2016_document_on_dna_database_management_0.pdf. – Access date: 10/21/2018.
2. Frudakis T. N. Molecular photofitting: predicting ancestry and phenotype using DNA. Amsterdam; Boston: Elsevier/Academic Press, 2008, xiv, 695 p.
3. Balding D. J. Weight-of-evidence for forensic DNA profiles. Hoboken, N.J.: John Wiley & Sons, 2005, x, 184 p.
4. Belair R. R., United States. Bureau of Justice Statistics., Search Group. Forensic DNA analysis: issues. Washington, D. C.: U. S. Dept. of Justice, Office of Justice Programs, Bureau of Justice Statistics, 1991, v, 32 p.
5. Buckleton J. S., Triggs C. M., Walsh S. J. Forensic DNA evidence interpretation. Boca Raton: CRC Press, 2005, 534 p.
6. Butler J. M. Advanced topics in forensic DNA typing: methodology. Waltham, MA: Elsevier/Academic Press, 2012, xvii, 680 p.
7. Goodwin W. Forensic DNA typing protocols. Second edition., New York: Humana Press, 2016, x, 298 pages.
8. Ham S. K., Kim S. Y., Seo B. Y. et al. Differential pre-amplification of STR loci for fragmented forensic DNA profiling. Electrophoresis, 2016, Vol 37, № 22. pp. 3002–3009.
9. Hindmarsh R. A., Prainsack B. Genetic suspects: global governance of forensic DNA profiling and databasing. Cambridge; New York: Cambridge University Press, 2010, xxv, 343 p.
10. Jiang X., He J., Jia F. et al. An integrated system of ABO typing and multiplex STR testing for forensic DNA analysis. Forensic Sci Int Genet, 2012, Vol 6, № 6. pp. 785–97.
11. Lincoln P. J., Thomson J. Forensic DNA profiling protocols. Totowa, N.J.: Humana Press, 1998, X, 309 p.
12. Moretti T. R., Moreno L. I., Smerick J. B. et al. Population data on the expanded CODIS core STR loci for eleven populations of significance for forensic DNA analyses in the United States. Forensic Sci Int Genet, 2016, Vol 25, pp. 175–181.
13. National Institute of Justice (U. S.). Research and Development Working Group. National Commission on the Future of DNA Evidence (National Institute of Justice). The future of forensic DNA testing: predictions of the Research and Development Working Group. Washington, D.C. (810 Seventh Street, N. W., Washington, 20531): U. S. Dept. of Justice, Office of Justice Programs, National Institute of Justice, 2000, xi, 82 p.
14. National Research Council (U.S.). Committee on DNA Forensic Science: an Update. National Research Council (U. S.). Commission on DNA Forensic Science: an Update. The evaluation of forensic DNA evidence. Washington, D.C.: National Academy Press, 1996, XV, 254 p.
15. Primorac D., Schanfield M. S. Forensic DNA applications: an interdisciplinary perspective. XXV, 621 p.
16. Shewale J. G., Liu R. H. Forensic DNA analysis: current practices and emerging technologies. XVI, 405 p.
17. Zhou H., Bi G., Zhang C. et al. Developmental validation of forensic DNA-STR kits: Expressmarker 16+10Y and expressmarker 16+18Y. Forensic Sci Int Genet, 2016, Vol 24, pp. 1–17.
18. Abouelhoda M., El-Kalioby M., Giegerich R. WAMI: a web server for the analysis of minisatellite maps. BMC Evol Biol, 2010, Vol 10, pp. 167.
19. Manabe S., Morimoto C., Hamano Y. et al. Development and validation of open-source software for DNA mixture interpretation based on a quantitative continuous model. PLoS One, 2017, Vol 12, № 11. pp. e0188183.
20. Sjerps M., van der Geest N., Pieron C. et al. A Dutch population study of the STR Loci HUMTH01, HUMFES/FPS, HUMVWA31/1 and HUMF13A1, conducted for forensic purposes. Int J Legal Med, 1995, Vol 108, № 3, pp. 127–134.
21. Amankwaa A. O., McCartney C. The UK National DNA Database: Implementation of the Protection of Freedoms Act 2012. Forensic Sci Int, 2018, Vol 284, pp. 117–128.
22. Johnson P., Williams R. DNA and Crime Investigation: Scotland and the 'UK National DNA Database'. Scott J Crim Justice Stud, 2004, Vol 10, pp. 71–84.
23. Linacre A. The UK National DNA Database. Lancet, 2003, Vol 361, № 9372, pp. 1841–2.
24. Maguire C. N., McCallum L. A., Storey C. et al. Familial searching: a specialist forensic DNA profiling service utilising the National DNA Database to identify unknown offenders via their relatives, the UK experience. Forensic Sci Int Genet, 2014, Vol 8, № 1, pp. 1–9.
25. Pascali V. L., Lago G., Dobosz M. The dark side of the UK National DNA Database. Lancet, 2003, Vol 362, № 9386, p. 834.
26. Revoir A., Ballard D. J., Syndercombe Court D. Report into a discordant result at D16S539 between SGM Plus(R) and PowerPlex(R) ESI 16 kits in a criminal case sample and implications for the UK National DNA Database upgrade. Sci Justice, 2014, Vol 54, № 1, pp. 95–7.
27. Wallace H. The UK National DNA Database. Balancing crime detection, human rights and privacy. EMBO Rep, 2006, Vol 7 Spec No, pp. S26–30.
28. Minton J. A., Flanagan S. E., Ellard S. Mutation surveyor: software for DNA sequence analysis. Methods Mol Biol, 2011, Vol 688, pp. 143–53.
29. Protsyuk I. V., Grekhov G. A., Tiunov A. V. et al. Shared bioinformatics databases within the Unipro UGENE platform. J Integr Bioinform, 2015, Vol 12, № 1, p. 257.

30. Liu Y. Y., Harbison S. A review of bioinformatic methods for forensic DNA analyses. *Forensic Science International: Genetics*, 2018, Vol 33, pp. 117–128.
31. Golosova O., Henderson R., Vaskin Y. et al. Unipro UGENE NGS pipelines and components for variant calling, RNA-seq and ChIP-seq data analyses. *PeerJ*, 2014, Vol 2, p. 644.
32. Okonechnikov K., Golosova O., Fursov M. Unipro UGENE: a unified bioinformatics toolkit. *Bioinformatics*, 2012, Vol 28, № 8, pp. 1166–7.
33. Wang L. T., Lin C. S., Chai C. Y. et al. Functional interaction of Ugene and EBV infection mediates tumorigenic effects. *Oncogene*, 2011, Vol 30, № 26, pp. 2921–32.
34. Vaskin Y. Y., Khomicheva I. V., Ignatieva E. V. et al. ExpertDiscovery and UGENE integrated system for intelligent analysis of regulatory regions of genes. *In Silico Biol*, 2011, Vol 11, № 3–4, pp. 97–108.
35. Guo C., Zhang X., Fink S. P. et al. Ugene, a newly identified protein that is commonly overexpressed in cancer and binds uracil DNA glycosylase. *Cancer Res*, 2008, Vol 68, № 15, pp. 18–26.
36. Porras-Hurtado L., Ruiz Y., Santos C. et al. An overview of STRUCTURE: applications, parameter settings, and supporting software. *Frontiers in Genetics*, 2013, Vol 4, pp. 98.
37. Isaeva E. N., Isaev Yu. S., Seminsky I. Zh. The significance of DNA markers in forensic examination of kinship among ethnic Buryats of the Baikal region of Eastern Siberia. *Siberian Medical Journal (Irkutsk)*, 2011, Vol 104, No. 5, pp 25–27 (In Russian).
38. Mulero J. J., Hennessy L. K. Next-Generation STR Genotyping Kits for Forensic Applications. *Forensic Sci Rev*, 2012, Vol 24, № 1, pp. 1–13.
39. Van Neste C., Van Nieuwerburgh F., Van Hoofstat D. et al. Forensic STR analysis using massive parallel sequencing. *Forensic Sci Int Genet*, 2012, Vol 6, № 6, pp. 810–8.
40. Aboud M. J., Gassmann M., McCord B. Ultrafast STR Separations on Short-Channel Microfluidic Systems for Forensic Screening and Genotyping. *J Forensic Sci*, 2015, Vol 60, № 5, pp. 1164–70.
41. Aboud M. J., Gassmann M., McCord B. R. The development of mini pentameric STR loci for rapid analysis of forensic DNA samples on a microfluidic system. *Electrophoresis*, 2010, Vol 31, № 15, pp. 2672–9.
42. Agrawal S., Khan F. Reconstructing recent human phylogenies with forensic STR loci: a statistical approach. *BMC Genet*, 2005, Vol 6, pp. 47.
43. Akhteruzzaman S., Ferdous A., Momtaz P. et al. Forensic evaluation of 11 non-standard STR loci in Bangladeshi population. *Leg Med (Tokyo)*, 2013, Vol 15, № 2, pp. 106–8.
44. Alghafri R., Zupanic Pajnic I., Zupanc T. et al. Rapidly mutating Y-STR analyses of compromised forensic samples. *Int J Legal Med*, 2018, Vol 132, № 2, pp. 397–403.
45. Messina F., Finocchio A., Akar N. et al. Enlarging the gene-geography of Europe and the Mediterranean area to STR loci of common forensic use: longitudinal and latitudinal frequency gradients. *Ann Hum Biol*, 2018, Vol 45, № 1, pp. 77–85.
46. Budowle B., van Daal A. Forensically relevant SNP classes. *Biotechniques*, 2008, Vol 44, № 5, pp. 603–610.
47. Giardina E., Spinella A., Novelli G. Past, present and future of forensic DNA typing. *Nanomedicine (Lond)*, 2011, Vol 6, № 2, pp. 257–70.
48. Zidkova A., Horinek A., Kebrdlova V. et al. Application of the new insertion-deletion polymorphism kit for forensic identification and parentage testing on the Czech population. *Int J Legal Med*, 2013, Vol 127, № 1, pp. 7–10.
49. Halder I., Yang B. Z., Kranzler H. R. et al. Measurement of admixture proportions and description of admixture structure in different U.S. populations. *Hum Mutat*, 2009, Vol 30, № 9, pp. 1299–309.
50. Stepanov V., Balanovsky O., Melnikov A. et al. Characteristics of the population of the Russian Federation applying a panel of fifteen loci used for DNA identification and forensic examination. *Acta Naturae*, 2011, Vol 3, No. 2, pp. 59–71 (in Russian).
51. Alvarez-Cubero M. J., Saiz M., Martinez-Garcia B. et al. Next generation sequencing: an application in forensic sciences? *Ann Hum Biol*, 2017, Vol 44, № 7, pp. 581–592.

Received: 24.01.2019

Поступила: 24.01.2019