



## ПОЛИМОРФИЗМ ДНК СОБАК (*CANIS FAMILIARIS* L.). III. VNTR- И STR-ЛОКУСЫ. ИХ ПРИМЕНЕНИЕ В СОБАКОВОДСТВЕ И КРИМИНАЛИСТИКЕ

<sup>1</sup>Гарафутдинов Р.Р., <sup>2</sup>Чемерис Д.А., <sup>1</sup>Сахабутдинова А.Р., <sup>3,4</sup>Алексеев Я.И.,  
<sup>1</sup>Герашенков Г.А., <sup>5</sup>Гиниятов Ю.Р., <sup>6</sup>Аминев Ф.Г., <sup>1</sup>Чемерис А.В.

<sup>1</sup>Институт биохимии и генетики – обособленное структурное подразделение Федерального государственного бюджетного научного учреждения Уфимского федерального исследовательского центра Российской академии наук, Россия, 450054, Уфа, Проспект Октября, 71, E-mail: [garafutdinovr@mail.ru](mailto:garafutdinovr@mail.ru)

<sup>2</sup>ООО «Максим Медикал», Россия, 123423, Москва, ул. Народного Ополчения, д. 34, стр. 1

<sup>3</sup>ООО «Синтол», Россия, 127550, Москва, ул. Тимирязевская, д. 42

<sup>4</sup>Институт аналитического приборостроения Российской академии наук, Россия, 198095, Санкт-Петербург, ул. Ивана Черных, д. 31/33

<sup>5</sup>ООО Рамстор, 450064, Уфа, ул. Мира, 14

<sup>6</sup>Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования Башкирский государственный университет, Россия, 450076, Уфа, ул. Заки Валиди, 32

### Резюме

Рассмотрено применение в собаководстве и в криминалистике мини- и микросателлитных полиморфизмов ДНК собак, обозначаемых также как VNTR- и STR-локусы соответственно. Показано их применение в собаководстве для выяснения родословных, установления отцовства и чистопородности, а также для дифференциации пород преимущественно в виде микросателлитного полиморфизма ДНК. В криминалистике собаки могут быть как участниками преступлений в виде нападений на человека или домашних животных, так и некими свидетелями через ДНК которых, экстрагированную из их шерсти или фекалий, путем ДНК-идентификации конкретной собаки можно «выйти» на преступника или хотя бы на место совершения преступления, что также является хорошим подспорьем в его раскрытии. При этом популяционные исследования собак, в ходе которых устанавливается распространенность на разных территориях тех или иных аллелей маркерных признаков в виде STR-локусов, способствуют принятию правильных решений. Описаны базы данных по STR-полиморфизму ДНК собак или их прообразы. Уделено внимание источникам криминалистической собачьей ДНК, а также методам ее экстракции и предварительной оценке выделенных препаратов. Использование VNTR-полиморфизма носило довольно непродолжительный характер, и было довольно быстро заменено STR-полиморфизмом. Отмечены некоторые тенденции внедрения в эту область новых полиморфных признаков в виде однонуклеотидных замен или снипов (SNP), потенциально дающих более точную информацию, в том числе для ДНК-идентификации отдельных особей. Обсуждаются вопросы поголовной ДНК-паспортизации собак, которая может способствовать повышению культуры содержания собак и позволит в будущем ликвидировать бездомных собак, что будет носить как гуманный характер, так и потенциально уменьшит число собак-агрессоров.

**Ключевые слова:** собаки, собачий, *Canis familiaris*, полиморфизм ДНК, минисателлиты, микросателлиты, VNTR-локусы, STR-локусы, собаководство, криминалистика

**Цитирование:** Гарафутдинов Р.Р., Чемерис Д.А., Сахабутдинова А.Р., Алексеев Я.И., Герашенков Г.А., Гиниятов Ю.Р., Аминев Ф.Г., Чемерис А.В. Полиморфизм ДНК собак (*Canis familiaris* L.). III. VNTR- и STR-локусы. Их применение в собаководстве и криминалистике // *Biomics*. 2021. Т.13(3). С.321-346.  
DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2021-23

© Авторы

## DNA POLYMORPHISM OF DOGS (*CANIS FAMILIARIS* L.). III. VNTR- AND STR-LOCI. THEIR USE IN DOG BREEDING AND IN CRIMINALISTICS

<sup>1</sup>Garafutdinov R.R., <sup>2</sup>Chemeris D.A., <sup>1</sup>Sakhabutdinova A.R., <sup>3,4</sup>Alekseev Ya.I.,  
<sup>1</sup>Gerashchenkov G.A., <sup>5</sup>Giniyatov Yu.R., <sup>6</sup>Aminev F.G., <sup>1</sup>Chemeris A.V.

<sup>1</sup>Institute of Biochemistry and Genetics, Ufa Federal Research Center, Russian Academy of Sciences,  
71 Pr. Oktyabrya, 450054, Ufa, Russia, E-mail: [garafutdinov@mail.ru](mailto:garafutdinov@mail.ru)

<sup>2</sup>Maxim Medical LLC, 34-1 Narodnogo Opolcheniya str., Moscow, 123423, Russia

<sup>3</sup>Syntol LLC, 42 Timiryazevskaya str., 127550, Moscow, Russia

<sup>4</sup>Institute for Analytical Instrumentation RAS, 31/33 Ivana Chernyh str., 198095, St. Petersburg, Russia

<sup>5</sup>Ramstor LLC, 14 Mira str., 450064, Ufa, Russia

<sup>6</sup>Bashkir State University, 32 Zaki Validi str., 450076, Ufa, Russia

### Resume

The application of mini- and microsatellite polymorphisms of dog DNA, also referred to as VNTR- and STR-loci, respectively, in dog breeding and criminalistics is considered. Their use in dog breeding is shown to clarify pedigrees, establish paternity and purebred, as well as to differentiate breeds mainly in the form of microsatellite DNA polymorphism. In criminalistics, dogs can be both participants in crime scenes in the form of attacks on humans or pets, and some witnesses through whose DNA extracted from their fur or feces, by DNA identification of a particular dog, it may be help to get out to the perpetrator or at least to the crime scene, which is also a good help in its disclosure. At the same time, population studies of dogs, during which the prevalence of certain alleles of marker traits in the form of STR loci in different territories is established, contribute to making the right decisions. The databases on STR-polymorphism of dog DNA or their prototypes are briefly described. Attention is paid to the sources of forensic canine DNA, as well as methods of its extraction and preliminary evaluation of isolated preparations. The use of VNTR polymorphism was rather short-lived, and was quickly replaced by STR polymorphism. There are some trends in the introduction of new polymorphic traits in this area in the form of single-nucleotide polymorphism or SNPs, potentially providing more accurate information, including for DNA identification of individuals. The issues of universal DNA certification of dogs are discussed, which can contribute to improving the culture of keeping dogs and will allow the elimination of stray dogs in the future, which will be humanistic character and potentially reduce the number of aggressor dogs.

**Keywords:** dogs, canine, *Canis familiaris*, DNA polymorphism, minisatellites, microsatellites, VNTR-loci, STR-loci, dog breeding, criminalistics

**Citation:** Garafutdinov R.R., Chemeris D.A., Sakhabutdinova A.R., Alexeev Ya.I., Gerashchenkov G.A., Giniyatov Y.R., Aminev F.G., Chemeris A.V. DNA polymorphism of dogs (*Canis familiaris* L.). III. VNTR- and STR-loci. Their use in dog breeding and in criminalistics. *Biomics*. 2021. V.13(3). P.321-346. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2021-23 (In Russian)

© The Authors

### Введение

В середине 1980-х гг. в результате серии статей Алека Джеффриса и соавт. [Jeffreys et al., 1985; 1985a; 1985b; Gill et al., 1985], посвященных так называемым ДНК-фингерпринтам, возникающих из-за вариаций числа повторов минисателлитных последовательностей и приводящих к выявлению полиморфизму ДНК человека, началась эра ДНК-криминалистики. С тех пор с некоторой задержкой методы, используемые для человека, переносились на другие объекты, и в частности на собак. Так, первые работы по исследованию полиморфизма ДНК собак

проводились с помощью мультилокусных гибридизационных проб, после чего для этой цели стали использоваться однолокусные пробы, выявляющие VNTR-полиморфизм (Variable Number of Tandem Repeats) и приводящие уже к ДНК-профилям. Затем настал черед микросателлитных последовательностей, получивших обозначение STR-локусы (Short Tandem Repeats), унаследовавших обозначение получаемых электрофоретических картин как ДНК-профили. В общем, почти все как для людей [Чемерис и др. (Chemeris et al.), 2018; 2022] только с некоторым лаг-периодом.

В данном обзоре с соблюдением насколько возможно хронологии событий рассмотрены методические подходы и типы полиморфизмов ДНК, позволяющие проводить генетические анализы собак с целью идентификации отдельных особей, выяснения их родословных, вопросов отцовства, установления причастности конкретных собак к тем или иным преступлениям, а также уделено внимание некоторым другим моментам, имеющим непосредственное отношение к подобным исследованиям. При этом оставлены без внимания микросателлитные локусы, с помощью которых прослеживаются связи с возникающими у породистых собак вследствие инбридинга генетическими заболеваниями.

Однако до того как перейти к изложению основного материала необходимо коротко остановиться на терминах, обозначающих типы

полиморфизмов ДНК собак, упоминаемых в данной работе. Так, к минисателлитным последовательностям относятся участки генома с многократно повторенными мотивами длиной каждый от 7 до 100 пар нуклеотидов (п.н.), детекция которых осуществляется обычно с помощью блот-гибридизации. Хотя этот диапазон можно считать до некоторой степени условным и в разных статьях можно встретить различающиеся значения. Для выявляемых с помощью однолокусных проб VNTR-локусов ввиду относительно малого размера некоторых из них для наработки и последующей детекции может применяться и полимеразная цепная реакция (ПЦР). Эти типы полиморфизма ДНК и соответствующие методы их выявления применялись главным образом в самом начале генетических исследований собак.

5' - ..xxxgtctgatcgtattttatacaagxxx(**CGTTATCTTTACGGA**)<sub>n</sub>xxxcttatatagctagtctgcctxxx ...-3'

Рис. 1. Пример полиморфизма ДНК в виде VNTR-локусов. Жирным шрифтом выделен некий коровый минисателлитный мотив, который может повторяться в разных локусах неодинаковое число раз, что изображено как <sub>n</sub>. Разнообразие подобных коровых мотивов может быть очень велико. Строчными буквами показаны нуклеотиды, служащие местами отжига праймеров. «x» и многоточие отображают незначимые последовательности ДНК фланкирующих минисателлитные повторы участков.

Fig. 1. An example of DNA polymorphism in the form of VNTR loci. The bold font highlights the core minisatellite motif, which can be repeated at different loci an unequal number of times, which is depicted as <sub>n</sub>. The variety of such core motifs can be very great. Lowercase letters show the nucleotides serving as the sites of primer annealing. The "x" and ellipsis represent insignificant DNA sequences flanking the minisatellite repeats of the sites.

Гораздо больше исследований на уровне ДНК выполнено затем на основе другого типа полиморфизма, а именно микросателлитных локусов, в коих повторяющиеся элементы, как правило, имеют схожие между собой мотивы длиной от двух до шести нуклеотидов. Другое название таких микросателлитов – STR-локусы. Оба этих термина, являясь, по сути синонимами, сосуществуют в работах, где проводятся разнообразные генетические исследования собак. Так, если в базе данных PubMed в поисковой строке набрать «dog» с булевым оператором OR «canine» и через булевый оператор AND добавить слова «DNA» и «microsatellite» то за все годы по состоянию на конец сентября 2021 г. выйдет 393 статьи. Подставив вместо «microsatellite» термин «STR», таких работ окажется всего 133. Для сравнения можно привести количества публикаций с терминами «minisatellite» и «VNTR», которых будет 36 и 20 соответственно. Однако во многих статьях со всеми этими группами ключевых слов далеко не всегда исследуемая ДНК принадлежала собакам, поскольку последние могли служить лишь носителями каких-либо инфекций, вызываемых разными этиологическими агентами, полиморфизм ДНК которых в тех статьях и изучался. Добавив к вышеперечисленным терминам еще одно

ключевое слово «forensic», таких статей с «VNTR», «minisatellite», «STR», «microsatellite» поисковик выдаст всего 3, 11, 50 и 59 соответственно, причем опять-таки не во всех из них объектом служила именно ДНК собак.

Насколько нам известно, подобных обзоров, в которых бы рассматривались различные типы полиморфизмов ядерной ДНК собак и их применение на практике, в литературе не имеется. При этом считаем нужным отметить, что, несмотря на то, что ранее полиморфизм ДНК собак нами не исследовался, интерес к этой области молекулярной генетики у нас неслучайный, о чем свидетельствует написание схожей статьи по полиморфизму ДНК лошадей, включающей рассмотрение микросателлитных повторов [Гарафутдинов и др. (Garafutdinov et al.), 2020], а также публикация серии работ по ДНК-идентификации личности [Чемерис и др. (Chemeris et al.), 2018; 2020; Анисимов и др. (Anisimov et al.), 2019; Гарафутдинов и др. (Garafutdinov et al.), 2021]. Помимо этого, нами подготовлена первая в России довольно объемная монография «ДНК-криминалистика» [Чемерис и др. (Chemeris et al.), 2022], выход которой издательством «Наука» запланирован на начало 2022 г., и в ней, в частности

упоминаются собаки как объекты расследования преступлений.

Возвращаясь к собакам, считаем важным заметить, что данная статья является только одной из серии публикаций в этом номере журнала, посвященных полиморфизму ДНК собак и вопросам их происхождения, а также настоящему и прогнозируемому будущему наших четвероногих друзей [Гиниятов и др. (Giniyatov et al.), 2021; Кирьянова и др. (Kiryanova et al.), 2021; Сахабутдинова и др. (Sakhabutdinova et al.), 2021; Чемерис и др. (Chemeris et al.), 2021].

#### Минисателлитные или VNTR-локусы собак

Уже упоминавшийся выше Джеффрис со своим коллегой опубликовали в соавторстве статью [Jeffreys, Morton, 1987], в которой для исследования

минисателлитного полиморфизма ДНК кошек и собак описывалось применение мультилокусных гибридных зондов 33.15 и 33.6, характеризующихся несколькими отличающимися коровыми последовательностями, называемыми также «пробами Джеффриса», прежде использовавшимся для выявления полиморфизма ДНК человека. При этом основная масса анализируемых фрагментов ДНК находилась в диапазоне от 2 до 10 тысяч п.н. Это позволило им тогда провести ДНК-идентификацию отдельных особей собак и проследить их родословные. Поскольку гибридные зонды 33.15 и 33.6 ознаменовали собой, по сути, новую молекулярно-биологическую эпоху в криминалистике, то здесь пожалуй стоит привести фотографии сохранившихся у нас с тех времен упаковок этих самых проб английской фирмы Cellmark Diagnostics (рис. 2).



Рис. 2. Сохранившиеся до настоящего времени в Институте биохимии и генетики УФИЦ РАН гибридные зонды 33.15 и 33.6 фирмы Cellmark Diagnostics (Англия)

Fig. 2. Hybridization probes 33.15 and 33.6 of Cellmark Diagnostics (England) preserved to date at the Institute of Biochemistry and Genetics of the UFRC RAS

С использованием четырех зондов (бактериофаг M13; проба Джеффриса; гипервариабельная область альфа-глобина человека; родственная *per* гену дрозофилы мышьяная проба) для ряда различных животных, включая собаку, птиц и рыб были выявлены их генетические штрих-коды [Georges et al., 1988]. Этими же авторами метод ДНК-фингерпринтирования с мультилокусными гибридными зондами, представлявшими собой бактериофаг M13 и одну из проб Джеффриса, был использован для разрешения спора об отцовстве собак в непростой ситуации [Georges et al., 1988a]. Так, во время одной и той же течки одну суку случали с двумя кобелями этой же и другой породы. Поскольку эти породы фенотипически схожи, то из-за

этого было трудно решить, были ли щенки чистокровными или они оказались смешанного разведения. Анализ ДНК однозначно показал, что щенки имели двух разных отцов, таким образом свидетельствуя об имевшем место сверхплодотворении.

Здесь стоит отметить, что бактериофаг M13, характеризующийся присутствием в одном из своих генов участка из гипервариабельных повторов, довольно активно использовался в качестве гибридного зонда при исследовании ДНК широкого круга организмов, включая человека, и выявляя у них имеющиеся полиморфные локусы [Vassart et al., 1987; Ryskov et al., 1988]. С помощью гибридного зонда 33.15 и дополнительно

пробы в виде гипервариабельной области альфа-глобина человека новозеландскими авторами были сняты вопросы по спорному отцовству у родезийских риджбеков, афганских борзых и бордер-колли [Hermans et al., 1991].

При исследовании полиморфизма ДНК у собак в качестве мультилокусных проб использовали и иные гибридационные пробы. Так, в одной из работ, где исследовался полиморфизм ДНК у целого ряда домашних животных и птиц [Buitkamp et al., 1991], подобными пробами для собак послужили синтетические олигонуклеотиды с повторяющимися ди- и тринуклеотидами (GT)<sub>8</sub> и (CTG)<sub>5</sub>, которые, впрочем, из-за структурной организации можно считать уже микросателлитами, но их иная мультилокусность, нежели у обычных микросателлитных последовательностей, выявляемых с помощью ПЦР со специфичными к конкретным участкам генома праймерами, не позволяет в данном контексте это сделать.

Хотя для человека использование полиморфизма ДНК в виде минисателлитных повторов и VNTR-локусов во второй половине 1990-х гг. почти прекратилось, тем не менее, изредка подобные публикации можно было встретить. Аналогичная ситуация сложилась и с ДНК-полиморфизмом собак, когда, например в одной из работ [Sutton et al., 1998], посвященных популяционному изучению ирландских волкодавов и установлению их родословных, использовалась мультилокусная гибридационная проба 33.6 и ряд однолокусных, но наряду с ними исследовались и микросателлитные последовательности.

Прежде чем перейти к настоящим микросателлитам в виде STR-локусов, задержимся ненадолго на других STR-последовательностях, служащих для выявления VNTR-полиморфизма. Речь идет о Synthetic Tandem Repeats, представляющих

собой отличающиеся по GC-составу короткие 14-ти звенные двухцепочечные олигонуклеотиды, превратившиеся после многократных этапов самолигирования во фрагменты ДНК размерами свыше 400 п.н., которые после клонирования в плазмидном векторе использовались в качестве гибридационных зондов [Vergnaud, 1989; Vergnaud et al., 1991]. С этими синтетическими STR-зондами был изучен VNTR-полиморфизм у 13 пород собак, а именно: аляскинский маламут, борзая, бигль, бельгийская овчарка, фокстерьер, гриффон, лабрадор, ирландский сеттер, спаниель, такса, ирландский терьер, шарпей и пудель с целью разработать тест-системы для определения отцовства и выявления родословных у чистокровных собак [Mariat, Robert, 1993], но дальнейшего развития этот способ выявления полиморфизма ДНК и не только у собак не получил.

### Микросателлитные или STR-локусы собак

Важным преимуществом использования микросателлитных локусов для изучения полиморфизма ДНК, в том числе у собак являются их меньшие по сравнению с минисателлитными и VNTR-последовательностями размеры, благодаря чему такие участки ДНК удобно амплифицировать с помощью ПЦР. Если минисателлитные локусы требуют для их обнаружения применения весьма трудоемкого метода блот-гибридации по Саузерну и детектируемые фрагменты ДНК преимущественно имеют размеры от 2 до 10 т.п.н., то микросателлитные локусы обычно укладываются в диапазон от 100 до 500 п.н., легко детектируемые с помощью секвенирующего гель-электрофореза в пластинах или в капиллярах. Также немаловажно и то, что ПЦР позволяет обходиться малым стартовым количеством ДНК, что весьма актуально при исследовании криминалистических образцов, к которым перейдем ниже.

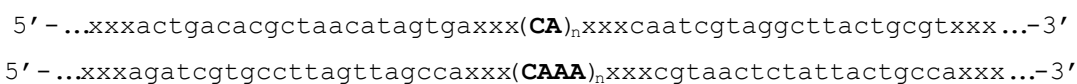


Рис. 3. Пример полиморфизма ДНК в виде STR-локусов с выделенными жирным шрифтом ди- и тетра-нуклеотидными коровыми мотивами, которые могут повторяться в разных локусах неодинаковое число раз, что изображено как **n**. Разнообразие подобных коровых мотивов может быть очень велико. Строчными буквами показаны нуклеотиды, служащие местами отжига праймеров. «x» и многоточие отображают незначимые последовательности ДНК фланкирующие микросателлитные повторы участков.

Fig. 3. An example of DNA polymorphism in the form of STR loci with bold di- and tetranucleotide core motifs that can be repeated at different loci an unequal number of times, which is depicted as **n**. The variety of such core motifs can be very great. Lowercase letters show the nucleotides serving as the sites of primer annealing. The "x" and ellipsis represent insignificant DNA sequences flanking microsatellite repeats of the sites.

После обнаружения и начала использования на рубеже 1990-х гг. микросателлитных повторов при исследованиях полиморфизма ДНК человека с

некоторой задержкой подобные участки были выявлены, клонированы и секвенированы у собак. Первоначально большей частью это были

динуклеотидные повторы [Holmes et al., 1993; Ostrander et al., 1993; Molyneux, Batt, 1994]. В одной из публикаций было сообщено о специфичных для собак сразу 101 динуклеотидном микросателлитном локусе [Ostrander et al., 1995]. Помимо динуклеотидных микросателлитов были найдены подобные последовательности с трехнуклеотидными [Mariat et al., 1996], с тетрануклеотидными [Primmer, Mathews, 1993; Francisco et al., 1996], с гексануклеотидными коровыми мотивами [Shibuya et al., 1994]. И подобных работ довольно много. Общая организация микросателлитных повторов схожа с таковой у минисателлитов, отличаясь лишь в размерах коровых мотивов, что хорошо видно из рис. 3.

В одном из обзоров были проанализированы 72 публикации за период с 1996 по 2009 гг. и подсчитано, что в них велись работы с 345 микросателлитными локусами собак, несущими коровые мотивы, различающейся длины [van Asch, Pereira, 2010]. При этом авторы ограничились более подробным рассмотрением лишь 58 микросателлитных локусов, приведя, помимо ссылок на оригинальные статьи, и другие публикации, в которых тот или иной маркер использовался, указав для этих 58 локусов ди- или тетрануклеотидный характер коровых элементов (без приведения самих последовательностей) и отметив применялся ли тот либо иной микросателлитный локус для криминалистики. Необходимо заметить, что в оригинальных статьях наблюдается сильный «разнобой» в приводимых сведениях, поскольку в разных публикациях можно встретить весьма разнородную информацию об использованных микросателлитах. Причем, ни в одной статье в полном объеме не приведена исчерпывающая информация, которая заключалась бы в описании организации микросателлитных локусов (простые, компаундные, комплексные); типе коровых мотивов (с ди-, три-, тетра-, пента-, гексануклеотидной природой, включая последовательности нуклеотидов); числе выявленных (известных) повторяющихся мотивов; локализации на хромосомах; размерах ампликонов; частотах встречаемости упоминаемых микросателлитов в популяциях. При этом в старых работах нет единообразия и в названиях данных локусов. Хотя нужно признать, что в ряде статей приводятся температуры отжига праймеров и сами праймерные последовательности для амплификации конкретных микросателлитов, что позволяло воспроизводить те эксперименты.

*Применение микросателлитных последовательностей для определения отцовства и чистопородности собак*

Неудивительно, что преимущества для детекции микросателлитных последовательностей по

сравнению с VNTR-локусами и тем более с минисателлитами послужили тому, что этот тип полиморфизма стал многими авторами из разных стран использоваться для установления отцовства у собак и изучения их родословных, а также в популяционных исследованиях [Zajc et al., 1994; Binns et al., 1995; Zajc, Simpson, 1996; Koskinen, Bredbacka, 1999; 2000; Morera et al., 1999]. При этом количество используемых микросателлитных локусов в этих цитируемых работах варьировало от одного до двенадцати. Также микросателлитные локусы нашли применение для сопоставления разных пород собак на предмет их генетической близости и для анализа чистопородности [Zajc et al., 1997; Zajc, Simpson, 1999].

В уже упоминаемой выше статье [Sutton et al., 1998], в которой с помощью мультилокусных и однолокусных проб изучалась генетическая структура популяций ирландских борзых, для той же цели применили и восемь микросателлитных локусов, размеры ампликонов которых у всех исследованных собак находились в диапазоне от 119 до 282 п.н. В одной из работ исследовались распределение частот и размеры аллелей 20 микросателлитных локусов у большого числа представителей семейства псовых [Fredholm, Wintero, 1995]. Домашние собаки были представлены 33 ретриверами и 32 таксами. Помимо них в исследование были взяты 10 рыжих лис и 10 песцов. Отмечен довольно высокий консерватизм выбранных микросателлитных локусов, 16 из которых оказались также присущи лисам и песцам. Отдельно следует отметить, что в той статье микросателлитные последовательности назывались еще как «short tandem repeats» (в том числе в самом заголовке), но аббревиатура «STR», уже прочно закрепившаяся к тому времени в исследованиях полиморфизма ДНК человека, использована не была. Однако активное применение в ДНК-криминалистике для поиска и изобличения преступников микросателлитных последовательностей именно как STR-локусов привело к тому, что и в генетических исследованиях собак этот термин через некоторое время также вошел в обиход.

В наступившем столетии подобные работы с использованием микросателлитных локусов собак были продолжены. В большом количестве статей уделялось внимание изучению популяций собак, проживающих на разных территориях и континентах [Ichikawa et al., 2001; Kim et al., 2001; Eichmann et al., 2005; van Asch et al., 2010; Zenke et al., 2011; Moon et al., 2016; Radko et al., 2018; Wang et al., 2019 и др.]. Немало работ посвящено определению с помощью микросателлитных маркеров отцовства, родословных и чистопородности у собак [Altet et al., 2001; Gentilini et al., 2004; van Asch et al., 2009; Odgen et al., 2012;

Goleman et al., 2021; Padko, Podbielska, 2021]. В одной из статей на примере исследования 250 собак, относящихся к пяти породам, с использованием 10 микросателлитных маркеров и 50 особей на референсную популяцию продемонстрировано, что такой подход позволяет довольно уверенно проводить идентификацию пород на уровне ДНК [Koskinen, 2003]. Исследуя, в том числе микросателлитный полиморфизм ДНК (21 аутосомный STR-локус и четыре локуса из Y-хромосомы) у 173 собак пяти охотничьих пород, было обнаружено, что на их основе (вкуче с гаплотипами митохондриальной ДНК) можно проводить дифференциацию этих пород [Parra et al., 2008].

В одной масштабной работе было проведено исследование локализованных на всех 38 хромосомах 96 микросателлитных локусов с динуклеотидными повторами у 414 чистокровных собак, относящихся к 85 породам, для которых в приложении к той статье были приведены размеры ампликонов с подобранными к этим участкам генома праймерами и уровни гетерозиготности для разных пород [Parker et al., 2004]. Другими авторами для обнаружения генетических различий между представителями 28 пород, относящихся к разным группам собак, было использовано 100 STR-маркеров [Irion et al., 2003]. При этом был сделан вывод, что для лучшего понимания филогении этих пород предпочтительнее использовать однонуклеотидный полиморфизм ДНК или иначе снипы – SNP, о которых речь идет в другой нашей статье (Гарафугдинов и др. – готовится к печати). После завершения секвенирования генома собаки в его черновом варианте [Lindblad-Toh et al., 2005] появилась возможность построить генетическую карту, на которой были локализованы около 3 тысяч микросателлитов и приблизительно 22 тысячи снипов, разбросанных по геному в среднем через 110 т.п.н. [Wong et al., 2010], свидетельствуя, что последние являются весьма массовыми и удобными для генотипирования, подтверждая только что приведенное высказывание [Irion et al., 2003].

Но еще до завершения секвенирования генома собаки назрела необходимость упорядочения накопленных сведений о микросателлитных локусах у собак, в том числе с целью удобства их использования для чего требовалась соответствующая номенклатура. Так, в одной из статей [Eichmann et al., 2004a] 15 собачьих STR-локусов (FH2010, FH2079, PEZ2, VWF.X, FH2054, FH2087Ub, FH2611, WILMS-TF, PEZ12, PEZ15, PEZ6, FH2087Ua, ZUBECA4, ZUBECA6, FH2132), выбранных авторами из разных публикаций, были протестированы на 131 собаке и распределены по трем группам в зависимости от их организации – простые; компаундные; комплексные, что за десятилетие до этого было проделано и с STR-

локусами человека. В цитируемой статье проведен детальный аллельный анализ всех 15 STR-локусов, содержащих преимущественно тетра-нуклеотидные коровые мотивы, размеры ампликонов которых в целом укладывались в диапазон от 151 до 458 п.н. Приведены в той статье и частоты встречаемости всех 15 микросателлитов, а также праймерные последовательности. Этими же авторами затем было предложено использовать еще несколько собачьих STR-локусов, для части которых также была приведена подобная подробная информация [Eichmann et al., 2006; Hellmann et al., 2006]. Эти дополнительные микросателлитные маркеры были протестированы на 142 неродственных собаках, что позволило установить частоты их встречаемости. Позже другой коллектив разработал мультиплексный набор из 9 микросателлитных локусов с тетра-нуклеотидными коровыми мотивами FH3210, FH3241, FH2004, FH2658, FH4012, REN214L11, FH2010, FH2361 и C38, располагающимися на хромосомах 2, 8, 11, 14, 15, 16, 24, 33 и 38, соответственно, и укладывающимися в размерный диапазон 90 – 350 п.н. [van Asch et al., 2008].

До появления специально созданных коммерческих наборов STR-локусов вышеупомянутые панели микросателлитов использовались как для исследований в собаководстве, так и в криминалистике. Помимо этих целей микросателлитные локусы собак могут использоваться и в звероводческих хозяйствах для исследований ценных пушных зверей из псовых, поскольку большинство таких микросателлитных последовательностей у них совпадают с собаками (о чем уже говорилось выше) и обеспечивают определенный уровень полиморфизма ДНК. Так, в одной из работ описано использование микросателлитов FHC2010, FHC2054, FHC2079, PEZ1, PEZ20, PEZ12, PEZ3, PEZ5, PEZ6, PEZ8 при исследованиях популяций песцов, лис и енотовидных собак для контроля происхождения животных и идентификации особей на зверофермах [Jakubczak, Jezewska, 2008]. Причем в этом случае авторы применяли коммерческий набор «StockMarks Genotyping Kit, canine» фирмы Applied Biosystems (сейчас ThermoFisher Scientific). Такой же набор использовался и для исследования популяций такс в Чехии [Pribánová et al. 2009]. В еще одной работе этот набор использовался при изучении популяции из 63 собак в Португалии и авторы также указали на пригодность этих сведений для криминалистики [Ganço et al., 2009].

Вообще разработка набора «StockMarks Genotyping Kit, canine» была инициирована American Kennel Club для создания базы данных по большому числу собак разных пород, о чем дальше еще будет идти речь. При этом изначально было создано два

набора - «StockMarks for Dogs Canine I» и «StockMarks for Dogs Canine II», объединивших 17 STR-локусов, однако второй набор из 7 микросателлитов производился недолго. Здесь следует также заметить, что некоторое время фирмой Applied Biosystems еще выпускался набор для определения родства у собак на основе 21 микросателлитного локуса и гендерных локусов AMELX/AMELY, рекомендованных International Society of Animal Genetics (ISAG) в виде «Canine ISAG STR Parentage Kit [2014]», на смену которому пришел набор «AgriSeq™ Canine SNP Parentage and ID Panel», основанный уже на 381 снипе, пригодный, в том числе и для ДНК-идентификации собак.

*Применение STR-локусов собак в криминалистических целях*

Собаки могут иметь разное отношение к различным преступлениям. Так, они сами могут быть причастны к нападению на человека, нанесению вреда какой-либо живности. Вплоть до смертельных исходов. Собаки могут быть виновниками нанесения иного материального ущерба. И во всех этих случаях необходимо через полиморфизм ДНК устанавливать конкретных животных. Также ДНК собак может связать подозреваемого с местом преступления или с жертвой через передачу шерсти, слюны, крови, экскрементов, которые могут произойти во время совершения преступления - от домашнего животного жертвы к подозреваемому или к месту преступления, либо наоборот от домашнего животного подозреваемого к жертве или к месту преступления. И подобные примеры раскрытия преступлений, когда ДНК собак послужила доказательствами злодеяний, уже имеются [Halverson, Basten, 2005; 2005a]. Помимо этого, полиморфизм ДНК собак может потребоваться при краже животного и его поиске, при идентификации останков пропавшего домашнего питомца, при жестоком обращении с собаками. Могут быть и другие варианты, при которых ДНК-идентификация собак окажется полезной. При этом использование собачьей ДНК, несмотря на огромный потенциал для ДНК-криминалистики, остается мало востребованным подходом, как при проведении расследований, так и при сборе доказательств совершенных преступлений.

Уже в ранних исследованиях микросателлитных локусов у собак в некоторых статьях фигурировали упоминания о возможном их применении в криминалистических целях [Holmes et al., 1993]. Однако для этого потребовалось определенное время и одной из первых работ<sup>1</sup>, в

которой был проведен анализ собачьей микросателлитной ДНК при расследовании дорожного происшествия, стала статья 1999 г. [Muller et al., 1999]. Тогда расследовался инцидент, в котором в Австрии в аварию попал мотоциклист, средство передвижения которого из-за выбежавшей на дорогу собаки получило серьезные повреждения, потребовавшие дорогостоящего ремонта. Собака смогла убежать, но на колесе осталась ее шерсть, из которой была выделена ДНК и сравнена с ДНК двух собак, хозяева которых проживали поблизости от места происшествия. В итоге было обнаружено, что по данным гель-электрофореза ампликоны использовавшихся для анализа всего трех микросателлитных локусов (АНТ107, АНТ137, VIAS-D10) отличались от аналогичных у одной из этих двух собак, что позволило исключить ее из «подозреваемых», но их совпадение с таковыми другой собаки еще не являлось доказательством причастности последней, поскольку анализ всего трех локусов конечно нельзя признать весомым аргументом. И даже специально проведенные популяционные исследования собак на данной территории в силу ряда причин, среди которых крайне малое число используемых локусов, вряд ли помогли бы с принятием однозначного ответа. Здесь, пожалуй, также стоит заметить, что в этих экспериментах сравнение микросателлитных локусов проводилось не классическим способом по их размерам, а использовался так называемый SSCP-анализ (Single-Stranded Conformational Polymorphism), позволяющий по характеру движения в геле изначально одноцепочечной ДНК сравнивать возникающую вторичную структуру ампликонов, в том числе зависящую от их длины.

В первые годы криминалистических исследований ДНК собак применялись разные комплекты микросателлитных локусов. Так, например в одной из работ при расследовании совершенного еще в 1991 г. убийства 68-ти летнего человека, при котором также погибла его собака, на сохранившейся одежде предполагаемого преступника после возобновления дела в 1996 г. стали вестись поиски, в том числе и собачьей шерсти для выделения ДНК и ее анализа с помощью 11 микросателлитных локусов PEZ1, PEZ3, PEZ5, PEZ6, PEZ8, PEZ11, PEZ12, PEZ18, UCB2010, UCB2054, UCB2079 [Shutler et al., 1999]. В литературе есть описание случая нападения собаки на семилетнего ребенка, расследование которого производилось с применением 10 микросателлитных локусов PEZ1, PEZ3, PEZ5, PEZ6, PEZ8, PEZ12,

<sup>1</sup> Здесь имеется ввиду использование для криминалистического анализа ядерной ДНК, тогда как

применение митохондриальной ДНК собак для этой цели рассматривается нами в отдельной статье [Сахабудинова и др., 2021].



PEZ20, FHC2054, FHC2010 и FHC2079 [Padar et al., 2002], лишь частично совпадающими с локусами, используемыми в расследовании, упомянутом выше.

Первый случай применения собачьих STR-локусов для расследования в Эстонии смерти женщины, ставшей жертвой нападения собаки, описан в 2003 г. [Aaspõllu, Kelve, 2003]. Обнаруженные на пальто этой женщины собачьи шерсть и слюна, позволили выделить из них ДНК и сравнить с помощью 10 STR-локусов из набора «StockMarks Genotyping Kit, canine» с целым рядом подозреваемых собак, однако ни одна из них не оказалась тем агрессором, лишившим жизни человека. В этой работе также применялись для поиска собаки 128 п.н. фрагмент митохондриального генома, но и этот подход оказался безуспешным, тем более, что полиморфизм митогеномов собак довольно низок, о чем говорится в другой нашей статье из этой серии публикаций [Сахабутдинова и др. (Sakhabutdinova et al.), 2021].

Спустя некоторое время коллективом авторов [Budowle et al., 2005] были подготовлены рекомендации по использованию в криминалистике ДНК животных и в частности собак, во многом сходные с таковыми, применяющимися при ДНК-идентификации человека. Спустя несколько лет возникла необходимость к этому вопросу вернуться опять и выработать еще одни рекомендации [Linacre et al., 2011], также мало отличающиеся от тех, что применялись по отношению к человеку.

Но использование микросателлитов собак в криминалистике, тем не менее, все это время шло. Так, при расследовании обстоятельств смерти 3-х месячного ребенка вследствие нападения собаки была использована панель из 13 STR-локусов ANTh121, ANTh171, ANTk211, ANTk253, FH2001, FH2328, FH2611, FH2326, FH2054, FH2289, C22.279, INU042, INU055 [Tsuji et al., 2008]. Позже австралийскими авторами при расследованиях ряда случаев нападения собак на людей была предложена панель из 11 STR-локусов PEZ01, PEZ03, PEZ05, PEZ06, PEZ08, PEZ10, PEZ12, PEZ20, FHC2054 и FHC2010 [Clarke, Vandenberg, 2010], отличающаяся лишь одним дополнительным локусом PEZ10 от предложенной ранее венгерскими авторами [Padar et al., 2002]. В одной из работ [Eichmann et al., 2004] с помощью панели из предложенных этими же авторами 15 микросателлитных локусов [Eichmann et al., 2004a] было исследовано 52 случая укусов собаками людей и даже в присутствии большого количества человеческой ДНК STR-профили собак удавалось получить [Eichmann et al., 2004]. Поскольку в этом случае для анализа использовались микросателлитные локусы, специфичные для человека и для собаки, то эта ситуация отличается от той, когда проводится

анализ смешанного образца, в котором ДНК принадлежит, например, жертве и преступнику. Но и смешанные образцы ДНК одних собак могут встречаться. Так, в литературе описан случай, когда ребенок погиб в результате нападения собак, но требовалось выяснить была ли это одна собака или их было больше [Dobosz et al., 2009]. Ввиду малого количества материала для выделения ДНК не все локусы удалось проамплифицировать, но те аллели, которые удалось установить, свидетельствовали что собак было, по крайней мере, две. Другим авторам также пришлось с помощью 19 STR-локусов дифференцировать нескольких собак, атака которых стала причиной смерти одного человека [Ciampolini et al., 2017].

Большим коллективом авторов из разных учреждений США выполнено имеющее непосредственное отношение к криминалистике исследование популяционных особенностей генетического полиморфизма ДНК 236 собак 9 пород и еще 431 собака, представляющих собой помеси 43 различных пород, проведенное на основе коммерческого набора «Canine Genotypes Panel 2.1 Kit» финской фирмы Finnzymes Oy<sup>2</sup>, включающего 18 микросателлитных аутосомных локусов FH2001, FH2004, FH2010, FH2017, FH2054, FH2088, FH2107, FH2309, FH2328, FH2361, FH3313, FH3377, PEZ02, PEZ05, PEZ16, PEZ17, PEZ21, VWF.X, а также локусы из половых хромосом ZFX/ZFY, позволяющие идентифицировать пол животного [Kanthaswamy et al., 2009]. 16 из этих 18 локусов характеризовались тетра- и пента-нуклеотидным коровым мотивом, а FH3377 и VWF.X несли соответственно пента- и гексануклеотидные мотивы. Популяционные особенности исследованных пород позволяли отличить их от других пород и дифференцировать от популяций собак смешанных пород, однако выявленная генетическая изменчивость не четко коррелировала с географическим местом нахождения собак. Авторы сделали вывод, что полученные результаты при проверке происхождения и определения породы все же могут использоваться для судебно-медицинской экспертизы. При исследовании 67 собак, относящихся к более чем 40 породам, образцы ДНК которых были собраны в разных районах Калифорнии, в своей следующей работе [Dayton et al., 2009] эта же группа авторов уделила значительное внимание методическим вопросам в виде высоты электрофоретических пиков, появлению статтерных фрагментов, интерпретации данных, воспроизводимости результатов, отметив

<sup>2</sup> Весной 2010 г. фирма Finnzymes Oy вошла в состав корпорации ThermoFisher Scientific и сейчас данный набор поставляется этой фирмой под тем же названием.

обнаружение для ряда локусов микровариантных аллелей. В другой своей работе эта же группа авторов [Tom et al., 2010] произвела систематизацию сведений по этим 18 микросателлитам, формирующим мультиплексный набор, отметив необходимость разработки униформной номенклатуры. Более важным результатом следует считать выявление в отдельных локусах однонуклеотидных замен, инсерций и делеций во фланкирующих повторяющиеся мотивы участках, что стало известно благодаря определению нуклеотидных последовательностей некоторых ампликонов. Причем, подобное отмечалось ранее и для STR-локусов человека, особенно после внедрения в эту сферу высокопроизводительного секвенирования новых поколений, что, впрочем, неудивительно поскольку мутационные процессы микросателлитных областей генома высших (животных) организмов подчиняются одним и тем же законам.

Здесь нужно отметить, что создание этого набора из 18 микросателлитных локусов и локусов ZFX/ZFY собак явилось следствием многолетних усилий нескольких частных, академических, государственных и федеральных учреждений, включая фирмы MMI Genomics, Inc., QuestGen Forensics, Лабораторию молекулярной антропологии Калифорнийского университета (все - Дэвис, Калифорния), лабораторию Министерства юстиции в Ричмонде, Калифорния, Национальный институт стандартов и технологий (Гейтерсбург, Мэриленд), лабораторию ДНК ФБР (Квантико, Вирджиния), лабораторию геномного разнообразия Национального института рака (Фредерик, Мэриленд) и отдел диагностики фирмы Finnzymes Oy (Эспоо, Финляндия), которая и взялась за его коммерциализацию [Kanthaswamy, 2009].

Помимо данного набора «Canine Genotypes Panel 2.1 Kit» фирма Finnzymes Oy производила еще набор «Canine Genotypes Panel 1.1 Kit<sup>3</sup>», тоже основанный на 18 микросателлитах, рекомендованных ISAG (АНТk211, СХХ279, REN169O18, INU055, REN54P11, INRA21, АНТ137, REN169D01, АНTh260, АНТk253, INU005, INU030, FH2848, АНТ121, FH2054, REN162C04, АНTh171, REN247M23), к которым в качестве гендерного локуса были добавлены гены AMELX/AMELY. Причем, в вышеописанном случае расследования гибели ребенка от двух собак [Dobosz et al., 2009] использовался именно этот набор «Canine Genotypes Panel 1.1 Kit». В одной из работ [Kanthaswamy et al., 2019] было проведено сравнение этих двух наборов для использования в криминалистических целях и показано, что вариант «2.1» все же более подходит для таких исследований.

Недавно для набора «Canine Genotypes Panel 2.1 Kit» была изготовлена маркерная аллельная лестница для лучшего определения размеров образующихся ампликонов [Lee et al., 2021]. При этом авторы отметили увеличение в последние годы числа расследований, в криминальных сценах которых так или иначе оказывались задействованы собаки.

Несмотря на появление коммерческих наборов, продолжались разработки и других панелей микросателлитов собак. Так, группой авторов из нескольких подразделений Калифорнийского университета в том же Дэвисе (Судебно-медицинское подразделение лаборатории ветеринарной генетики (VGL), Школы ветеринарной медицины; Отдел разнообразия и сохранения собак той же лаборатории; Департамент здоровья и репродукции населения той же Школы ветеринарной медицины) и одной их коллеги из Лаборатории генетики животных Университета Квинсленда в Австралии был разработан мультиплексный набор DogFiler, несущий 15 микросателлитных локусов и гендерный локус SRY из Y-хромосомы [Wictim et al., 2013]. Подбор микросателлитных локусов велся ими в несколько этапов, анализируя известный геном собаки версии CanFam2.0, в ходе которого сначала были выбраны 3113 маркеров-кандидатов, оставив из них затем 15 STR-локусов, которые мы здесь с информацией об их хромосомной локализации и размерах ампликонов приводим в виде таблицы.

Таблица

Состав набора DogFiler  
Table - The composition of the DogFiler kit

Локус Locus	Хромосомная локализация Chromosome location	Размеры, п.н. Size range, bp
VGL0760	7	276–340
VGL0910	9	282–350
VGL1063	10	86–138
VGL1165	11	191–271
VGL1541	15	184–240
VGL1606	16	272–340
VGL1828	18	220–284
VGL2009	20	144–184
VGL2136	21	91–135
VGL2409	24	108–156
VGL2918	29	188–260
VGL3008	30	110–178
VGL3112	31	185–217
VGL3235	32	267–327
VGL3438	34	136–188
SRY	Y	80

<sup>3</sup> В настоящее время данный набор под прежним названием поставляется ThermoFisher Scientific.

Как можно видеть из данной таблицы минимальный размер одного их ампликонов для

микросателлитных локусов составляет 86 п.н., а максимальный – 350 п.н. Важно отметить, что этот набор DogFiler для удобства измерения длины амплифицированных фрагментов ДНК сопровождался аллельной маркерной лестницей и был изготовлен в полном соответствии с рекомендациями SWGDAM<sup>4</sup> (Scientific Working Group on DNA Analysis Methods). С учетом того, что криминалистическая ДНК часто может быть деградированной, то аналогично тому как это имеет место при работе с человеческой ДНК в виде применения к старым и разрушенным образцам так называемых miniSTR-локусов, на основе набора DogFiler этими же авторами была изготовлена версия Mini-DogFiler с укороченными размерами тех же STR-локусов [Kun et al., 2013]. Но для этого пришлось разбить исходную панель на три мультиплекса. Причем для нескольких локусов было достигнуто основательное (практически вдвое) уменьшение их размеров на 154, 169, 165 и 175 п.н. Микросателлитный локус VGL1063, как и SRY-локус остались при своих размерах и только один микросателлитный локус VGL3008 при подборе новых праймеров пришлось увеличить на 2 п.н. В целом, размеры всех ампликонов уложились в диапазон от 77 до 203 п.н. С помощью набора Mini-DogFiler в этой работе были генотипированы 1244 собаки 95 пород. Помимо них для определения специфичности амплификации в исследование были взяты образцы ДНК разных видов организмов от бактерий до человека. Также анализировалась ДНК собаки, захороненной за 16 лет до этого. Проводилось и искусственное разрушение ДНК в контролируемых условиях ферментом ДНКазой. Исследованию подвергались и смешанные образцы ДНК разных собак в различных пропорциях. Все это было сделано для проверки соблюдения SWGDAM рекомендаций и нужно отметить, что в целом с той или иной степенью успешности эти контрольные тесты набором Mini-DogFiler были пройдены.

Позже другими авторами [Blackie et al., 2015] из набора DogFiler были выбраны 8 STR-локусов (VGL0760, VGL2136, VGL3008, SRY, VGL1063, VGL2009, VGL1541, VGL3235) и испытаны при анализе образцов ДНК, выделенных, в том числе из единичных шерстинок ряда пород собак, поскольку такой материал нередко обнаруживается на одежде или прочих предметах, представляющих интерес для криминалистов. Недавно для выявления полиморфизма микросателлитов из набора Mini-DogFiler наряду с капиллярным гель-электрофорезом было применено высокопроизводительное

секвенирование нового поколения в секвенаторе MiSeq фирмы Illumina [Allwood et al., 2021], продемонстрировавшее вариации нуклеотидных последовательностей в виде однонуклеотидных замен и во фланкирующих коровые повторы участках, что вполне ожидаемо, поскольку для STR-локусов человека подобное было показано уже десяток лет назад, лишний раз подтверждая, что ДНК-криминалистика животных заметно отстает в методическом плане.

В одной из работ [Scharnhorst, Kanthaswamy, 2011], посвященной изучению полиморфизма ДНК собак, сообщалось, что в Калифорнийском университете в Дэвисе в период с августа 2003 г. по июль 2005 г. было расследовано 32 случая по запросам, поступившим к ним из 15 штатов США, для чего применялись 29 собачьих STR-локусов (АНТ121, АНТ137, АНТh171, АНТk211, АНТk253, C08.618, C22.279, FH2001, FH2054, FH2137, FH2159, FH2164, FH2247, FH2289, FH2305, FH2326, FH2328, FH2361, FH2611, INRA21, LEI2D2, PEZ03, PEZ08, PEZ10, PEZ11, PEZ12, PEZ18, PEZ22, RVC1), подобранных в тот момент из различных публикаций. Создав новые наборы DogFiler и Mini-DogFiler, а также учитывая имеющийся опыт, та же Лаборатория ветеринарной генетики, являясь одной из крупнейших лабораторий по тестированию ДНК животных в мире, получила статус аккредитованной испытательной лаборатории и теперь VGL-Forensics предоставляет услуги в частности по анализу ДНК собак для целей криминалистики и выдаваемые ими результаты принимаются к рассмотрению в ходе судебных разбирательств.

В Европе еще в 2003 г. для улучшения криминалистических исследований Институт юридической медицины, Медицинский университет (оба - Инсбрук, Австрия) совместно с Федеральным управлением уголовной полиции (Висбаден, Германия) основали группу по профилированию ДНК собак - Canine DNA Profiling (CaDNAP). В 2008 году к ним присоединился Институт ветеринарной патологии Университета Юстуса Либиха (Гессен, Германия) и в 2015 году - Институт судебной медицины Цюрихского университета (Цюрих, Швейцария). За прошедший период членами группы CaDNAP опубликовано немало работ в области криминалистики ДНК собак, часть которых (2004 – 2006 гг.) уже был процитирована нами выше. В 2014 г. на основе рекомендаций International Society of Forensic Genetics данной группой создана панель из 13 STR-локусов, разбитых на два мультиплекса MP1 и MP2 - FH2087, FH2611, FH2613, PEZ6, FH2137, PEZ3, FH2328, WILMS-TF, FH2054, PEZ15, FH2508, FH2361, C38, из которых только три локуса совпали с продажным набором Canine Genotypes Panel 2.1 Kit, а с набором

<sup>4</sup> <https://www.swgdam.org>

Canine Genotypes Panel 1.1 Kit совпал лишь один [Berger et al., 2014]. Другим отличием этой панели было использование иных, причем сразу двух локусов из половых хромосом, необходимых для определения пола собак, представленных в ней генами амелогенина и SRY. С помощью этой панели из 13 микросателлитных локусов и двух генов из половых хромосом в цитируемой работе было исследовано 295 собак из Австрии и Германии. Также важным моментом следует считать изготовление аллельных маркерных лестниц, улучшающих определение точных размеров ампликонов. Спустя несколько лет этой группой CaDNAР с помощью разработанного ими набора из 13 STR-локусов сначала были исследованы 392 собаки, относящиеся к 23 наиболее популярным породам в Австрии, Германии и Швейцарии [Berger et al., 2018], а затем еще 1184 собаки из этих же стран [Berger et al., 2019], продемонстрировав пригодность выбранных ими микросателлитных локусов для криминалистических анализов собачьей ДНК.

Хотя следующая статья этих авторов [Berger et al., 2021] не имеет никакого отношения ни к мини-, ни к микросателлитам, тем не менее она заслуживает быть упомянутой здесь хотя бы потому, что опять-таки с заметной задержкой повторяет ситуацию с ДНК-идентификацией личности человека, а точнее с установлением фенотипических черт владельца ДНК и в этом случае уже в дело вступили подобранные ими снипы в количестве 15 штук и еще шесть инделов. Как уже неоднократно доказано, что при поиске преступников правоохранительным органам помогают сведения о его внешности, так и для собак при следственных действиях в некоторых случаях может быть полезно знать хотя бы приблизительный габитус животного.

Завершая данный раздел, стоит заметить, что в США при National Institute of Standards and Technology существует база данных по STR-локусам человека, но в ней есть и страницы с STR-локусами собак (<https://strbase.nist.gov/dogSTRs.htm>), содержащие информацию о 49 микросателлитах с указанием их хромосомной локализации, типе коровых повторов, размерном диапазоне генерируемых ампликонов и ссылками на опубликованные статьи. К сожалению, данный ресурс последний раз обновлялся 08/01/2012.

Что касается использования для определения пола у собак различных локусов ZFX/ZFY, AMELX/AMELY, SRY, которые также применяются для определения пола и у людей, то нами недавно данные вопросы, включая ряд проблемных моментов, рассмотрены довольно подробно [Гарафутдинов и др. (Garafutdinov et al.), 2021] и посему здесь не будем уделять этим генам большего внимания.

#### *Базы данных по STR-локусам собак*

В апреле 1996 г. United Kennel Club в США учредил свою программу по ДНК-профилям собак и фирма Zoogen, Inc., располагающаяся в Дэвисе (Калифорния), на основе тех же ими разработанных 17 микросателлитов сформировала базу данных, содержащая информацию о STR-локусах 438 собак, которая позже увеличилась до 558 особей [Halverson, Basten, 2005]. Эта фирма затем вошла в состав концерна Perkin-Elmer / Applied Biosystems.

Как уже говорилось выше Американский клуб собаководства в конце 1990-х годов инициировал масштабное исследование [DeNise et al., 2004] генотипов собак с помощью 17 преимущественно тетра-нуклеотидных микросателлитных маркеров в двух панелях, размеры ампликонов которых для разных STR-локусов варьировали в диапазоне от 71 до 334 п.н. Образцы мазков буккального эпителия были добровольно собраны на Национальных специализированных выставках собак в течение 1998-2000 гг. Всего был собран 9561 образец, относящийся к 108 породам, с представленностью собак на породу от 11 особей (норфолк-терьер) до 218 (немецкая овчарка). Полученные результаты показали, что вероятность случайного совпадения ДНК-профилей у неродственных собак довольно низка и составляет  $3,2 \times 10^{-8}$ . Таким образом, American Kennel Club (AKC) создал первую в мире базу данных по 9561 собаке на основе полиморфизма 17 микросателлитных локусов - CAT1, PEZ03, PEZ05, PEZ06, PEZ08, PEZ12, PEZ20, FHC2010, FHC2054, FHC2079, PEZ10, PEZ11, PEZ13, PEZ15, PEZ16, PEZ17, PEZ21.

В настоящее время АКК имеет специальную программу ДНК-профилирования собак - АКК DNA Profile Program (<https://www.akc.org/breeder-programs/dna/>), на добровольной платной основе производя ДНК-генотипирование собак, в результате чего конкретная обследованная собака получает присвоенный ей DNA Profile Number, который добавляется в ее регистрационную запись и включается в дальнейшем в Регистрационные сертификаты и Родословные. При этом сообщается, что все получаемые АКК образцы становятся их собственностью, равно как и пополняемая и поддерживаемая ими база данных АКК DNA Database, в которой по состоянию на 31 декабря 2016 г. было уже свыше 790 тысяч записей ДНК-профилей собак. Следует заметить, что АКК DNA Profile Program не определяет породу собаки или ее чистопородность, а также не дает информацию о генетическом здоровье собаки, ее поведенческих реакциях и прочих подобных характеристиках.

ДНК-идентификация собак с использованием STR-локусов постепенно становится для криминалистики методом выбора, который требует,

среди прочего, систематического изучения данных о частоте аллелей в соответствующих популяциях собак и этому необходимо уделять внимание. Так, в Австралии с целью увеличить весомость доказательств за счет статистических сведений при рассмотрении криминалистических дел с участием собак при School of Veterinary and Life Sciences Murdoch University решили создать свою базу данных по микросателлитам собак «Western Australian Domestic Dog Database», точнее ее прообраз [Eyles, 2019]. Для этого с помощью набора «Canine Genotypes Panel 2.1 Kit» были генотипированы 100 собак, однако не все локусы и не у всех собак удалось выявить. Причем, из этих 100 собак 69 были представителями 41 породы, остальные (31 собака) были помесями. Было подсчитано, что вероятность случайного совпадения популяции собак на западе Австралии составляет около  $4,24 \times 10^{-14}$ .

Группой CaDNA [Berger et al., 2019] с помощью подобранных ими ранее 13 высокополиморфных маркерных STR-локусов были исследованы 1184 собаки (в том числе 967 чистопородных) из Германии, Австрии и Швейцарии с целью выяснить частоты аллелей, которые необходимо знать для определения значимости доказательств путем оценки вероятностей совпадения профилей ДНК в рассматриваемой популяции собак. При этом было обнаружено, что географическое происхождение тестируемых собак лишь незначительно влияло на наблюдаемые вариации генотипов. Это позволило объединить данные STR-полиморфизма из всех трех стран в единую выборку популяции собак, учтя при этом влияние породного

состава на оценки частот встречаемости аллелей. В общей сложности в объединенную популяцию собак оказались включены представители 166 различных пород. Вероятности случайного совпадения, основанные на общих частотах аллелей и учитывающие особенности пород, варьировали от  $10^{-13}$  до  $10^{-14}$ , что близко к оценкам австралийских авторов.

Уже упоминавшаяся Лаборатория ветеринарной генетики Калифорнийского университета в Дэвисе объединившись с рядом организаций гуманистической направленности создают уникальную базу данных CANINE-CODIS, имеющую целью борьбу с собачьими боями. Эта база данных содержит индивидуальные ДНК-профили собак, изъятых в ходе расследований собачьих боев, и предоставляет системе уголовного правосудия мощный инструмент для расследования и судебного преследования по этим делам. Остальную информацию об организации и функционировании этой базы данных при необходимости можно почерпнуть из сайта <https://vgl.ucdavis.edu/forensics/canine-codis>.

#### SNPSTR-полиморфизм

Как ранее для человека и у собак тоже был обнаружен некий «совмещенный» тип полиморфизма, выражающийся в том, что во фланкирующих последовательностях могут находиться однонуклеотидные замены – SNP, которые, оказавшись в пределах одного ампликона с STR-повторами (рис. 3), увеличивают общий полиморфизм этого участка генома [Agrafioti, Stumpf, 2007].

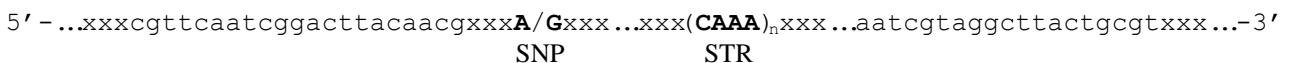


Рис. 3. Пример полиморфизма ДНК в виде STR-локусов с выделенным жирным шрифтом тетра-нуклеотидным коровым мотивом, который может повторяться в разных локусах неодинаковое число раз, что изображено как <sub>n</sub> и биаллельным снипом, изображенным как A/G. Строчными буквами показаны нуклеотиды, служащие местами отжига праймеров. «x» и многоточие отображают незначимые последовательности ДНК

фланкирующих микросателлитные повторы и снип участков.

Fig. 3. An example of DNA polymorphism in the form of STR loci with a tetranucleotide core motif highlighted in bold, which can be repeated at different loci an unequal number of times, which is depicted as <sub>n</sub> and a biallelic SNP, depicted as A/G. Lowercase letters show the nucleotides serving as the sites of primer annealing. The "x" and ellipsis represent insignificant DNA sequences flanking microsatellite repeats and SNP.

Суть использования таких объединенных локусов, представляющих собой относительно небольшие фрагменты ДНК, в которых располагаются один или два биаллельных снипа, а также какой-либо мультиаллельный STR-локус, заключается в том, что при сцепленном наследовании обеспечивается несколько больший уровень полиморфизма и лучшее отслеживание передачи полиморфных локусов в

поколениях. Была создана специализированная база данных по SNPSTR-локусам (<http://www.sbg.bio.ic.ac.uk/~ino/SNPSTRdatabase.html>), обладающая системой поиска подобных участков генома у нескольких видов млекопитающих, включая человека и собаку [Agrafioti, Stumpf, 2007]. Причем поиск STR-локусов и снипов по ней мог осуществляться тройко – по номеру снипа в базе

данных; по координатам в геноме; по типу повторяющихся мотивов. Однако последнее обновление этой базы данных было произведено 12 марта 2008 г. и сейчас она хотя и представлена в интернете, но не функционирует. Впрочем широкого развития такой подход не получил и даже по человеку имеются единичные работы, а про собак и говорить нечего. Основной причиной можно считать то, что для такого комбинированного анализа требуется использование не капиллярного, а полногеномного секвенатора. Другим недостатком служит увеличение длины анализируемого участка ДНК, который и без снипов и так часто бывает весьма протяженным.

### Источники собачьей ДНК

Для того чтобы изучать собачью ДНК ее необходимо получить в относительно чистом виде. В популяционных исследованиях и прочих экспериментах, где собаки (в том числе в рамках расследования какого-либо уголовного дела) доступны для анализа обычно для выделения ДНК используется их кровь или мазки буккального эпителия. В настоящее время множеством фирм предлагаются разнообразные наборы для выделения ДНК из таких образцов с четко расписанными последовательностями действий и поэтому нет особого смысла на этом здесь останавливаться. Что касается других криминалистических образцов то чаще всего ими служат отдельные шерстинки собаки, найденные на одежде подозреваемого или жертвы либо иных поверхностях; собачья слюна в месте укуса; кровь, в том числе засохшая [Eichmann et al., 2004; Mitsouras, Faulhaber, 2009]. Наиболее трудным объектом являются шерстинки, особенно лишенные волосных луковиц, в том числе по причине крайне малого количества ДНК в них и присутствия большого количества весьма прочного кератина. Экстракция ДНК из шерсти собаки практически ничем не отличается от подобного процесса при работе с человеческими волосами, и также существуют специально предназначенные для этого наборы, поставляемые рядом фирм. При этом в литературе можно встретить публикации, описывающие выделение ДНК непосредственно из собачьей шерсти, в том числе с помощью автоматического экстрактора ДНК [Pfeiffer et al., 2004; Bekaert et al., 2012].

Еще одним источником собачьей ДНК служат их экскременты. Причем в литературе можно встретить конкретные примеры как фекалии собак помогли задержать преступников, в том числе благодаря тому, что экскрементами оказалась испачканной их обувь [Barrientos et al., 2016; Sompay et al., 2020]. Для этого приходилось однозначно идентифицировать конкретную собаку, чтобы проследить ее связь с тем или иным преступлением

или происшествием. Здесь можно еще заметить, что идентификация по экскрементам собак (точнее их хозяев) может требоваться и для иных целей, например, борясь за чистоту наших городов и прочих населенных пунктов, что довольно подробно рассмотрено нами в другой статье [Гиниятов и др. (Giniyatov et al.), 2021]. Для выделения ДНК из фекалий также производятся соответствующие наборы. Однако фекалии являются трудным объектом из-за малого числа содержащих ДНК ядерных клеток в них, а также ввиду наличия большого числа ингибиторов ПЦР. Ранее мы специально уделили внимание вопросу возникновения ложноотрицательных результатов в ПЦР, когда амплификация не происходит и одной из причин как раз являются желчные кислоты, билирубин, полисахариды, в большом количестве присутствующие в кале [Чемерис и др. (Chemeris et al.), 2012]. В одной из работ проведено сравнение целого ряда способов экстракции ДНК из фекалий разных видов животных, среди которых упоминаются и собаки [Hart et al., 2015]. В криминалистической литературе есть также статья, в которой описывается как из фекалий выделить ДНК меньше, но чтобы она была лучше (и эта фраза даже была вынесена в заголовок), то есть в более чистом виде [Lindquist et al., 2016].

Помимо чистоты выделенных препаратов ДНК, не ингибирующих фермент ДНК полимеразу при проведении ПЦР, весьма важное значение имеет также качество выделенной ДНК в виде должного размера фрагментов, поскольку их отсутствие приведет к невыявлению в первую очередь тех STR-локусов, ампликоны которых имеют большую длину. В таких случаях нужно использовать набор с уменьшенными размерами целевых участков, как например, упоминавшийся выше набор Mini-DogFiler. В одной из недавних работ было предложено оценивать размер выделенных молекул ДНК собак с помощью ПЦР с праймерами, специфичными к генам рибосомной РНК, представленных в геноме в довольно большом числе копий [Heß et al., 2021].

Для успешной детекции STR-локусов с помощью капиллярного гель-электрофореза требуется использовать оптимальное количество ДНК, для чего необходимо его предварительно оценивать. Причем в случаях, когда эксперты имеют дело со смешанными образцами ДНК следует использовать количественную ПЦР в реальном времени со специфичными праймерами. И подобных работ при исследовании ДНК собак в присутствии человеческой, где маркерными фрагментами выступали различные участки ДНК, довольно много [Evans et al., 2007; Kanthaswamy et al., 2012; Kanthaswamy, Premasuthan, 2012; Liang, Coyle, 2020].

### Заключение

Довольно подробно и всесторонне рассмотрев полиморфизм повторяющихся участков генома собак в виде мини- и микросателлитов, можем заключить, что его использование безусловно сыграло весьма важную роль при выяснении родства собак, определении их родословных, отчасти даже установлении принадлежности отдельных собак к тем или иным породам (по крайней мере к группам пород), а также в ДНК-идентификации конкретных особей, в том числе для целей криминалистики. При этом можно видеть, что разные типы полиморфизмов и методы их детекции, применяемые при изучении генома человека последовательно переносились на исследования ДНК собак, но происходило это с большой задержкой. И особого ускорения в этом вопросе не отмечается, если судить по тому, что высокопроизводительное секвенирование новых поколений, в плане криминалистики используемое для ДНК человека (хотя только пока в научных целях) уже десяток лет, лишь недавно было применено для собак.

Несмотря на то, что в криминалистике все же постепенно ширится применение ДНК собак оно как и для человека основано на полиморфизме STR-локусов, которые верится, что рано или поздно уступят свое место однонуклеотидному полиморфизму, в том числе благодаря бурно развивающимся технологиям секвенирования ДНК новейших поколений и новым ДНК-чиповым технологиям. Что, впрочем, на собаках отчасти уже имеет место быть, принимая во внимание упоминавшийся выше набор «AgriSeq™ Canine SNP Parentage and ID Panel», основанный на 381 снипе, пригодный, в том числе и для ДНК-идентификации собак.

Поскольку для нас наибольший интерес представляет именно ДНК-идентификация конкретных собак, будь то для криминалистики или из других соображений, то нужно заметить, что, использование STR-локусов требует необходимости проведения для собак популяционных исследований. Хотя вряд ли последние способны оказывать существенную помощь при расследовании преступлений с участием собак либо ДНК-идентификации собак в иных целях, поскольку часто породистых щенков могут приобретать в других весьма отдаленных местах, да и на случку бывает партнеров увозят на большие расстояния и даже в другие страны, что не позволит полноценно опираться на выявляемые на конкретной территории те или иные аллели STR-локусов, если только речь не идет о дворнягах, скрещивающихся свободно. В этой связи породистые собаки, еще, будучи щенками, должны иметь персональный генетический паспорт, который все же лучше присваивать им на основе не STR-локусов, а на основе все тех же лучше наследуемых

однонуклеотидных замен или снипов, проводя при необходимости затем однозначную ДНК-идентификацию собак как в криминалистических целях, так и в житейских делах. Еще одной причиной необходимости ухода от STR-локусов является их довольно сильная мутационная изменчивость. Так, например, проанализировав 16 STR-локусов с разными протяженностями коровых мотивов у трех тетра-нуклеотидных микросателлитов FH2140, FH2168 и FH2201 в восьми собачьих семьях, у их щенков были обнаружены отклонения в числе повторов в виде потери или приращения одной-двух единиц, что искажало родословные [Parra et al., 2010]. При этом хорошо известно, что скорость мутационных процессов у STR-локусов весьма высокая ( $10^{-2}$  -  $10^{-4}$ ) замен нуклеотидов на конкретный сайт в год, тогда как у снипов она существенно ниже ( $10^{-8}$ ), что применительно к собакам позволяет лучше проследить их родословные.

Также настоятельно необходимо проводить мероприятия по ликвидации в нашей стране бездомных собак как «класса», что в том числе будет иметь многоцелевое гуманитарное значение в виде с одной стороны обеспечения не просто «братьям нашим меньшим», а еще с древности верным «друзьям человека» достойное существование, при котором они не будут постоянно рыскать в поисках пищи, а с другой стороны позволит исключить такой опасный фактор как сбивание бродячих собак в стаи, их нападения на людей и, в особенности на детей, в меньшей степени могущих им противостоять. И в этом вопросе также нельзя обойтись без ДНК-идентификации или точнее ДНК-паспортизации всех нарождающихся собак, насколько это конечно доступно сейчас при нынешних технологических возможностях, которые, вне всякого сомнения, будут совершенствоваться и рано или поздно такой учет собак непременно будет вестись.

Интерес к данной тематике отчасти вызван выполняемым нами проектом по гранту РФФИ-мк № 18-29-14076 и более широкое внедрение в криминалистическую и иную практику анализов ДНК-полиморфизма собак требует законодательских решений, которые нужно готовить, аналогично существующим для человека, безусловно, с учетом особенностей данных животных объектов.

### Литература

1. Анисимов В.А., Гарафутдинов Р.Р., Сагитов А.М., Сахобутдинова А.Р., Хуснутдинова Э.К., Аминев Ф.Г., Чемерис А.В. ДНК-криминалистика – зарождение, современность и перспективы // Биомика. 2019. Т.11(3). С. 282-314. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2019-26
2. Гарафутдинов Р.Р., Гайнуллина К.П., Кирьянова О.Ю., Юрина А.В., Долматова И.Ю.,

- Логонов О.Н., Чемерис А.В. Полиморфизм ДНК лошади *Equus caballus* и методы его выявления // Биомика. 2020. Т.12(2). С. 272-299. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2020-16
3. Гарафутдинов Р.Р., Сахабутдинова А.Р., Алексеев Я.И., Чемерис А.В. Гендерные локусы в ДНК-криминалистике и женском спорте // *Biomics*. 2021. Т.13(1). С.54-74. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2021-6
  4. Гиниятов Ю.Р., Чемерис Д.А., Яхин О.И., Гарафутдинов Р.Р., Чемерис А.В. Прасобаки, собаки и их будущее // *Biomics*. 2021. Т.13(3). С. 288-297. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2021-20
  5. Кирьянова О.Ю., Гарафутдинов Р.Р., Чемерис Д.А., Гиниятов Ю.Р., Губайдуллин И.М., Чемерис А.В. Полиморфизм ДНК собак (*Canis familiaris* L.). II. RAPD-анализ // *Biomics*. 2021. Т.13(3). С. 309-320. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2021-22
  6. Сахабутдинова А.Р., Чемерис Д.А., Гарафутдинов Р.Р., Алексеев Я.И., Гиниятов Ю.Р., Аминев Ф.Г., Чемерис А.В. Полиморфизм ДНК собак (*Canis familiaris*) и его применение. IV. мтДНК // *Biomics*. 2021. Т.13(3). С.347-359. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2021-24
  7. Чемерис А.В., Аминев Ф.Г., Гарафутдинов Р.Р., Анисимов В.А., Сагитов А.М., Хуснутдинова Э.К., Сахабутдинова А.Р., Чемерис Д.А., Михайленко К.И. ДНК-криминалистика. М., Наука. 2022. 25 авт.л.
  8. Чемерис А.В., Чемерис Д.А., Магданов Э.Г., Гарафутдинов Р.Р., Нагаев Н.Р., Вахитов В.А. Причины ложно-негативной ПЦР и недопущение некоторых из них // Биомика. 2012. Т. 4. № 1. С. 31-47.
  9. Чемерис Д.А., Гарафутдинов Р.Р., Сагитов А.М., Сагитова М.А., Михайленко К.И., Зубов В.В., Васильев Р.Г., Сломинский П.А., Анисимов В.А., Хуснутдинова Э.К., Алексеев Я.И., Курочкин В.Е., Лавров Г.С., Воробьев А.А., Аминев Ф.Г., Чемерис А.В. Микродиплотипы как новые маркеры для ДНК-идентификации личности // Биомика. 2020. Т.12(2). С. 300-317. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2020-17
  10. Чемерис Д.А., Гиниятов Ю.Р., Гарафутдинов Р.Р., Чемерис А.В. Полиморфизм ДНК собак (*Canis familiaris* L.). I. Происхождение, распространение собак в свете молекулярно-биологических данных об их митохондриальных и ядерных геномах // *Biomics*. 2021. Т.13(3). С. 298-308. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2021-21
  11. Чемерис Д.А., Сагитов А.М., Аминев Ф.Г., Луценко В.И., Гарафутдинов Р.Р., Сахабутдинова А.Р., Васильев Р.Г., Алексеев Я.И., Сломинский П.А., Хуснутдинова Э.К., Чемерис А.В. Эволюция подходов к ДНК-идентификации личности // Биомика. 2018. Т.10(1). С.85-140. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2018-16
  12. Aaspõllu A., Kelve M. The first criminal case in Estonia with dog's DNA data admitted as evidence // *International Congress Series*. 2003. V.1239(1). P.847-851. DOI: 10.1016/S0531-5131(02)00224-8
  13. Agrafioti I., Stumpf M.P.H. SNPSTR: a database of compound microsatellite-SNP markers // *Nucleic Acids Res*. 2007. V.35 (Database issue). D71-75. doi: 10.1093/nar/gkl806
  14. Allwood J.S., Meredith E., Lindquist C., Breen M. Application of an established canine genotyping method to a sequence-based approach // *Forensic Sci. Int.: Anim. Environm*. 2021. doi: 10.1016/j.fspiae.2021.100029.
  15. Altet L., Francino O., Sánchez A. Microsatellite polymorphism in closely related dogs // *J. Hered*. 2001. V. 92(3). P. 276-279. doi: 10.1093/jhered/92.3.276.
  16. Barrientos L.S., Crespi J.A., Fameli A., Posik D.M., Morales H., Peral García P., Giovambattista G. DNA profile of dog feces as evidence to solve a homicide // *Leg. Med. (Tokyo)*. 2016. V. 22. P. 54-57. doi: 10.1016/j.legalmed.2016.08.002.
  17. Bekaert B., Larmuseau M.H., Vanhove M.P., Opdekamp A., Decorte R. Automated DNA extraction of single dog hairs without roots for mitochondrial DNA analysis // *Forensic Sci. Int. Genet*. 2012. V. 6(2). P. 277-281. doi: 10.1016/j.fsigen.2011.04.009.
  18. Berger B., Berger C., Hecht W., Hellmann A., Rohleder U., Schleenbecker U., Parson W. Validation of two canine STR multiplex-assays following the ISFG recommendations for non-human DNA analysis // *Forensic Sci. Int. Genet*. 2014. V. 8(1). P. 90-100. doi: 10.1016/j.fsigen.2013.07.002.
  19. Berger B., Berger C., Heinrich J., Niederstätter H., Hecht W., Hellmann A., Rohleder U., Schleenbecker U., Morf N., Freire-Aradas A., McNevin D., Phillips C., Parson W. Dog breed affiliation with a forensically validated canine STR set // *Forensic Sci. Int. Genet*. 2018. V. 37. P. 126-134. doi: 10.1016/j.fsigen.2018.08.005.
  20. Berger B., Heinrich J., Niederstätter H., Hecht W., Morf N., Hellmann A., Rohleder U., Schleenbecker U., Berger C., Parson W. Forensic characterization and statistical considerations of the CaDNAP 13-STR panel in 1,184 domestic dogs from Germany, Austria, and Switzerland. CaDNAP Group // *Forensic Sci. Int. Genet*. 2019. V. 42. P. 90-98. doi: 10.1016/j.fsigen.2019.06.017.
  21. Berger C., Heinrich J., Berger B., Hecht W., Parson W. On Behalf Of CaDNAP. Towards Forensic DNA Phenotyping for Predicting Visible Traits in Dogs // *Genes (Basel)*. 2021. V. 12(6). P. 908. doi: 10.3390/genes12060908.
  22. Binns M.M., Holmes N.G., Marti E., Bowen N. Dog parentage testing using canine microsatellites // *J. Small Anim. Pract*. 1995. V. 36(11). P. 493-497. doi: 10.1111/j.1748-5827.1995.tb02791.x.
  23. Blackie R., Taylor D., Linacre A. Successful direct amplification of nuclear markers from single dog hairs using DogFiler multiplex // *Electrophoresis*. 2015. V. 36(17). P. 2082-2085. doi: 10.1002/elps.201400560.



24. Budowle B., Garofano P., Hellman A., Ketchum M., Kanthaswamy S., Parson W., van Haeringen W., Fain S., Broad T. Recommendations for animal DNA forensic and identity testing // *Int. J. Legal Med.* 2005. V. 119(5). P. 295-302. doi: 10.1007/s00414-005-0545-9.
25. Buitkamp J., Ammer H., Geldermann H. DNA fingerprinting in domestic animals // *Electrophoresis*. 1991. V. 12(2-3). P. 169-174. doi: 10.1002/elps.1150120212.
26. Ciampolini R., Cecchi F., Spinetti I., Rocchi A., Biscarini F. The use of genetic markers to estimate relationships between dogs in the course of criminal investigations // *BMC Res. Notes*. 2017. V. 10(1). P. 414. doi: 10.1186/s13104-017-2722-6.
27. Clarke M., Vandenberg N. Dog attack: the application of canine DNA profiling in forensic casework // *Forensic Sci. Med. Pathol.* 2010. V. 6(3). P. 151-157. doi: 10.1007/s12024-009-9114-8.
28. Dayton M., Koskinen M.T., Tom B.K., Mattila A.M., Johnston E., Halverson J., Fantin D., DeNise S., Budowle B., Smith D.G., Kanthaswamy S. Developmental validation of short tandem repeat reagent kit for forensic DNA profiling of canine biological material // *Croat. Med. J.* 2009. V. 50(3). P. 268-285. doi: 10.3325/cmj.2009.50.268.
29. DeNise S., Johnston E., Halverson J., Marshall K., Rosenfeld D., McKenna S., Sharp T., Edwards J. Power of exclusion for parentage verification and probability of match for identity in American Kennel Club breeds using 17 canine microsatellite markers // *Anim. Genet.* 2004. V. 35(1). P. 14-7. doi: 10.1046/j.1365-2052.2003.01074.x.
30. Dobosz M., Lancia M., Coletti A., Grasso C., Panarese F., De Iulius P. Genetic typing of dogs' traces in biological samples // *Forensic Sci.* 2009. P. 283-285. doi:10.1016/j.fsigss.2009.07.004.
31. Eggleston M.L., Irion D.N., Schaffer A.L., Hughes S.S., Draper J.E., Robertson K.R., Millon L.V., Pedersen N.C. PCR multiplexed microsatellite panels to expedite canine genetic disease linkage analysis // *Anim. Biotechnol.* 2002. V. 13(2). P. 223-235. doi: 10.1081/ABIO-120016191.
32. Eichmann C., Berger B., Parson W. A proposed nomenclature for 15 canine-specific polymorphic STR loci for forensic purposes // *Int. J. Legal Med.* 2004. V. 118(5). P. 249-266. doi: 10.1007/s00414-004-0452-5.
33. Eichmann C., Berger B., Parson W. Relevant aspects for forensic STR analysis of canine DNA: Repeat-based nomenclature and sensitive PCR multiplexes // *Int. Congress Series* 2006. doi.org/10.1016/j.ics.2005.11.032.
34. Eichmann C., Berger B., Reinhold M., Lutz M., Parson W. Canine-specific STR typing of saliva traces on dog bite wounds // *Int. J. Legal Med.* 2004. V. 118(6). P. 337-42. doi: 10.1007/s00414-004-0479-7.
35. Eichmann C., Berger B., Steinlechner M., Parson W. Estimating the probability of identity in a random dog population using 15 highly polymorphic canine STR markers // *Forensic Sci. Int.* 2005. V. 151(1). P. 37-44. doi: 10.1016/j.forsciint.2004.07.002.
36. Evans J.J., Wictum E.J., Penedo M.C., Kanthaswamy S. Real-time polymerase chain reaction quantification of canine DNA // *J. Forensic Sci.* 2007. V. 52(1). P. 93-96. doi: 10.1111/j.1556-4029.2006.00305.x.
37. Eyles J. Validation and Database Generation of 100 Canine Microsatellite Profiles for Crime and Paternity Testing. A thesis submitted in fulfilment of the requirements of the degree of Master of Forensic Science (Professional Practice) In the School of Veterinary and Life Sciences Murdoch University. Semester 2, 2019.
38. Francisco L.V., Langston A.A., Mellersh C.S., Neal C.L., Ostrander E.A. A class of highly polymorphic tetranucleotide repeats for canine genetic mapping // *Mamm. Genome*. 1996. V. 7(5). P. 359-362. doi: 10.1007/s003359900104.
39. Fredholm M., Winterø A.K. Variation of short tandem repeats within and between species belonging to the Canidae family // *Mamm. Genome*. 1995. V. 6(1). P. 11-18. doi: 10.1007/BF00350887.
40. Ganço L., Carvalho M., Serra A., Balsa F., Bento A.M., Anjos M.J., Xufre A., Côrte-Real F. Genetic diversity analysis of 10 STR's loci used for forensic identification in canine hair samples // *Forensic Sci.* 2009. doi.org/10.1016/j.fsigss.2009.08.068.
41. Gentilini F., Turba M.E., Andreani G. DNA fingerprinting using microsatellites to solve a parentage testing in the boxer breed // *Vet. Res. Commun.* 2004. V. 28. P.185-188. doi: 10.1023/b:verc.0000045402.24840.71.
42. Georges M., Hilbert P., Lequarré A.S., Leclerc V., Hanset R., Vassart G. Use of DNA bar codes to resolve a canine paternity dispute // *J. Am. Vet. Med. Assoc.* 1988. V. 193(9). P. 1095-1098.
43. Georges M., Lequarré A.S., Castelli M., Hanset R., Vassart G. DNA fingerprinting in domestic animals using four different minisatellite probes // *Cytogenet. Cell. Genet.* 1988. V. 47(3). P. 127-131. doi: 10.1159/000132529.
44. Gill P., Jeffreys A.J., Werrett D.J. Forensic application of DNA 'fingerprints' // *Nature*. 1985. V. 318(6046). P. 577-579. doi: 10.1038/318577a0.
45. Goleman M., Balicki I., Radko A., Rozempolska-Rucińska I., Zięba G. Pedigree and Molecular Analyses in the Assessment of Genetic Variability of the Polish Greyhound // *Animals (Basel)*. 2021. V. 11(2). P. 353. doi: 10.3390/ani11020353.
46. Halverson J.L., Basten C. A PCR multiplex and database for forensic DNA identification of dogs // *J. Forensic Sci.* 2005. V. 50(2). P. 352-363.
47. Halverson J.L., Basten C. Forensic DNA identification of animal-derived trace evidence: tools for

- linking victims and suspects // *Croat. Med. J.* 2005. V. 46(4). P. 598-605.
48. Hart M.L., Meyer A., Johnson P.J., Ericsson A.C. Comparative Evaluation of DNA Extraction Methods from Feces of Multiple Host Species for Downstream Next-Generation Sequencing // *PLoS One.* 2015. V. 10(11). e0143334. doi: 10.1371/journal.pone.0143334.
49. Hellmann A.P., Rohleder U., Eichmann C., Pfeiffer I., Parson W., Schleenbecker U. A proposal for standardization in forensic canine DNA typing: allele nomenclature of six canine-specific STR loci // *J. Forensic Sci.* 2006. V. 51(2). P.274-281. doi: 10.1111/j.1556-4029.2006.00049.x.
50. Hermans I.F., Atkinson J., Hamilton J.F., Chambers G.K. Three cases of disputed paternity in dogs resolved by the use of DNA fingerprinting // *N. Z. Vet J.* 1991. V. 39(2). P. 61-64. doi: 10.1080/00480169.1991.35662
51. Heß SA, Trapani S, Boronat MDM, Theunissen GMG, Rolf B, Jäger R. Ribosomal DNA as target for the assessment of DNA degradation of human and canine DNA // *Leg. Med (Tokyo).* 2021. V. 48. 101819. doi: 10.1016/j.legalmed.2020.101819
52. Holmes N.G., Dickens H.F., Parker H.L., Binns M.M., Mellersh C.S., Sampson J. Eighteen canine microsatellites // *Anim. Genet.* 1995. V. 26(2). P. 132-133. doi: 10.1111/j.1365-2052.1995.tb02659.x.
53. Holmes N.G., Humphreys S.J., Binns M.M., Curtis R., Holliman A., Scott A.M. Characterization of canine microsatellites // *EXS.* 1993. V. 67. P. 415-420. doi: 10.1007/978-3-0348-8583-6\_41.
54. Holmes N.G., Mellersh C.S., Humphreys S.J., Binns M.M., Holliman A., Curtis R., Sampson J. Isolation and characterization of microsatellites from the canine genome // *Anim. Genet.* 1993. V. 24(4). P. 289-292. doi: 10.1111/j.1365-2052.1993.tb00313.x.
55. Holmes N.G., Strange N.J., Binns M.M., Mellersh C.S., Sampson J. Three polymorphic canine microsatellites // *Anim Genet.* 1994 . V. 25(3). P. 200. doi: 10.1111/j.1365-2052.1994.tb00122.x.
56. Ichikawa Y., Takagi K., Tsumagari S., Ishihama K., Morita M., Kanemaki M., Takeishi M., Takahashi H. Canine parentage testing based on microsatellite polymorphisms // *J. Vet. Med. Sci.* 2001. V. 63(11). P. 1209-1213. doi: 10.1292/jvms.63.1209.
57. Ichikawa Y., Takahashi Y., Tsumagari S., Takeishi M., Ishihama K., Morita M., Kanemaki M., Minezawa M., Takahashi H. Identification and characterization of 40 dinucleotide microsatellites in the dog genome // *Anim. Genet.* 2002. V. 33(5). P. 400-401. doi: 10.1046/j.1365-2052.2002.00896\_16.x.
58. Irion D.N., Schaffer A.L., Famula T.R., Eggleston M.L., Hughes S.S., Pedersen N.C. Analysis of genetic variation in 28 dog breed populations with 100 microsatellite markers // *J. Hered.* 2003. V. 94(1). P. 81-87. doi: 10.1093/jhered/esg004.
59. Jäger R., Heß S.A., Trapani S., Rolf B., Boronat M.D.M., Theunissen G.M.G. Ribosomal DNA as target for the assessment of DNA degradation of human and canine DNA // *Leg. Med. (Tokyo).* 2021. V. 48. 101819. doi: 10.1016/j.legalmed.2020.101819.
60. Jakubczak A., Jezewska G. Walidacja zestawu StockMarks® do identyfikacji osobniczej zwierz't z rodziny psowatych // *Medycyna Wet.* 2008. V. 64(6). P. 832-835.
61. Jeffreys A.J., Brookfield J.F., Semeonoff R. Positive identification of an immigration test-case using human DNA fingerprints // *Nature.* 1985. V. 317(6040). P. 818-819. doi: 10.1038/317818a0.
62. Jeffreys A.J., Morton D.B. DNA fingerprints of dogs and cats // *Anim. Genet.* 1987. V. 18(1). P. 1-15. doi: 10.1111/j.1365-2052.1987.tb00739.x.
63. Jeffreys A.J., Wilson V., Thein S.L. Hypervariable 'minisatellite' regions in human DNA // *Nature.* 1985. V. 314(6006). P. 67-73. doi: 10.1038/314067a0.
64. Jeffreys A.J., Wilson V., Thein S.L. Individual-specific 'fingerprints' of human DNA // *Nature.* 1985. V. 316(6023). P. 76-9. doi: 10.1038/316076a0.
65. Kanthaswamy S. Review: domestic animal forensic genetics - biological evidence, genetic markers, analytical approaches and challenges // *Anim. Genet.* 2015. V. 46(5). P. 473-84. doi: 10.1111/age.12335.
66. Kanthaswamy S. The Development and Validation of a Standardized Canine STR Panel for Use in Forensic Casework / 2009. 63 P. NIJ Grant No. 2004-DN-BX-K007).
67. Kanthaswamy S., Oldt R.F., Montes M., Falak A. Comparing two commercial domestic dog (*Canis familiaris*) STR genotyping kits for forensic identity calculations in a mixed-breed dog population sample // *Anim. Genet.* 2019. V. 50(1). P. 105-111. doi: 10.1111/age.12758.
68. Kanthaswamy S., Premasuthan A. Quadriplex real-time PCR (qPCR) assay for human-canine-feline species identification and nuclear DNA quantification // *Forensic Sci. Int. Genet.* 2012. V. 6(3). e97-8. doi: 10.1016/j.fsigen.2011.09.001.
69. Kanthaswamy S., Premasuthan A., Ng J., Satkoski J., Goyal V. Quantitative real-time PCR (qPCR) assay for human-dog-cat species identification and nuclear DNA quantification // *Forensic Sci. Int. Genet.* 2012. V. 6(2). P. 290-295. doi: 10.1016/j.fsigen.2011.06.005.
70. Kanthaswamy S., Tom B.K., Mattila A.M., Johnston E., Dayton M., Kinaga J., Erickson B.J., Halverson J., Fantin D., DeNise S., Kou A., Malladi V., Satkoski J., Budowle B., Smith D.G., Koskinen M.T. Canine population data generated from a multiplex STR kit for use in forensic casework // *J. Forensic Sci.* 2009. V.

- 54(4). P. 829-840. doi: 10.1111/j.1556-4029.2009.01080.x.
71. Kim K.S., Tanabe Y., Park C.K., Ha J.H. Genetic variability in East Asian dogs using microsatellite loci analysis // *J. Hered.* 2001. V. 92(5). P. 398-403. doi: 10.1093/jhered/92.5.38.9.
72. Koskinen M.T. Individual assignment using microsatellite DNA reveals unambiguous breed identification in the domestic dog // *Anim. Genet.* 2003. V. 34(4). P. 297-301. doi: 10.1046/j.1365-2052.2003.01005.x.
73. Koskinen M.T., Bredbacka P. A convenient and efficient microsatellite-based assay for resolving parentages in dogs // *Anim. Genet.* 1999. V. 30(2). P. 148-149. doi: 10.1046/j.1365-2052.1999.00438.x.
74. Koskinen M.T., Bredbacka P. Assessment of the population structure of five Finnish dog breeds with microsatellites // *Anim. Genet.* 2000. V. 31(5). P. 310-7. doi: 10.1046/j.1365-2052.2000.00669.x.
75. Kun T., Lyons L.A., Sacks B.N., Ballard R.E., Lindquist C., Wictum E.J. Developmental validation of Mini-DogFiler for degraded canine DNA // *Forensic Sci. Int. Genet.* 2013. V. 7(1). P. 151-158. doi: 10.1016/j.fsigen.2012.09.002.
76. Lee M., Hwang I.K., Jung J.Y., Kim J.Y., Chang M., Moon S. Construction of an in-house allelic ladder for Canine Genotypes Panel 2.1 Kit // *J. Forensic Sci.* 2021. V. 66(6). P. 2362-2368. doi: 10.1111/1556-4029.14812.
77. Liang J.W., Coyle H.M. A short interspersed nuclear element-based quantitative PCR assay for simultaneous human and dog DNA detection and quantification // *Biotechniques.* 2021. V. 70(3). P. 175-180. doi: 10.2144/btn-2020-0144.
78. Linacre A., Gusmão L., Hecht W., Hellmann A.P., Mayr W.R., Parson W., Prinz M., Schneider P.M., Morling N. ISFG: recommendations regarding the use of non-human (animal) DNA in forensic genetic investigations // *Forensic Sci. Int. Genet.* 2011. V. 5(5). P. 501-505. doi: 10.1016/j.fsigen.2010.10.017.
79. Lindblad-Toh K. et al. Genome sequence, comparative analysis and haplotype structure of the domestic dog // *Nature.* 2005. V. 438. P. 803-819. doi: 10.1038/nature04338
80. Lindquist C.D., Wictum E.J. Less is More - Optimization of DNA Extraction from Canine Feces // *J. Forensic Sci.* 2016. V. 61(1). P. 212-218. doi: 10.1111/1556-4029.12913.
81. Mariat D., Amigues Y., Boscher M.Y. Eight canine tetranucleotide repeats // *Anim. Genet.* 1998. V. 29(2). P. 156-157.
82. Mariat D., Kessler J.L., Vaiman D., Panthier J.J. Polymorphism characterization of five canine microsatellites // *Anim. Genet.* 1996. V. 27(6). P. 434-435. doi: 10.1111/j.1365-2052.1996.tb00514.x.
83. Mariat D., Robert L. Dog genetic polymorphism revealed by synthetic tandem repeats // *EXS.* 1993. V. 67. P. 411-414. doi: 10.1007/978-3-0348-8583-6\_40.
84. Mitsouras K., Faulhaber E.A. Saliva as an alternative source of high yield canine genomic DNA for genotyping studies // *BMC Res. Notes.* 2009. V. 29. P. 219. doi: 10.1186/1756-0500-2-219.
85. Molyneux K., Batt R.M. Five polymorphic canine microsatellites // *Anim. Genet.* 1994. V. 25(5). P. 379. doi: 10.1111/j.1365-2052.1994.tb00395.x.
86. Moon S.H., Jang Y.J., Han M.S., Cho M.H. Population genetic study of 10 short tandem repeat loci from 600 domestic dogs in Korea // *J. Vet. Sci.* 2016. V. 17(3). P. 391-398. doi: 10.4142/jvs.2016.17.3.391.
87. Morera L., Barba C.J., Garrido J.J., Barbancho M., de Andrés D.F. Genetic variation detected by microsatellites in five Spanish dog breeds // *J. Hered.* 1999. V. 90(6). P. 654-656. doi: 10.1093/jhered/90.6.654.
88. Müller S., Flekna G., Müller M., Brem G. Use of canine microsatellite polymorphisms in forensic examinations // *J. Hered.* 1999. V. 90(1). P. 55-56. doi: 10.1093/jhered/90.1.55.
89. Ogden R., Mellanby R.J., Clements D., Gow A.G., Powell R., McEwing R. Genetic data from 15 STR loci for forensic individual identification and parentage analyses in UK domestic dogs (*Canis lupus familiaris*) // *Forensic Sci. Int. Genet.* 2012. V. 6(2). P. e63-5. doi: 10.1016/j.fsigen.2011.04.015.
90. Ostrander E.A., Mapa F.A., Yee M., Rine J. One hundred and one new simple sequence repeat-based markers for the canine genome // *Mamm Genome.* 1995. V.6(3). P.192-5. doi: 10.1007/BF00293011.
91. Ostrander EA, Sprague GF Jr, Rine J. Identification and characterization of dinucleotide repeat (CA)<sub>n</sub> markers for genetic mapping in dog // *Genomics.* 1993. V.16(1). P.207-213. doi: 10.1006/geno.1993.1160.
92. Pádár Z., Egyed B., Kontadakis K., Füredi S., Woller J., Zöldág L., Fekete S. Canine STR analyses in forensic practice. Observation of a possible mutation in a dog hair // *Int. J. Legal Med.* 2002. V. 116(5). P. 286-8. doi: 10.1007/s00414-002-0302-2.
93. Parker H.G., Kim L.V., Sutter N.B., Carlson S., Lorentzen T.D., Malek T.B., Johnson G.S., DeFrance H.B., Ostrander E.A., Kruglyak L. Genetic structure of the purebred domestic dog // *Science.* 2004. V. 304(5674). P. 1160-1164. doi: 10.1126/science.1097406.
94. Parra D., García D., Mendez S., Cañon J., Dunner S. High Mutation Rates in Canine Tetranucleotide Microsatellites: Too Much Risk for Genetic Compatibility Purposes? // *The Open Forensic Science Journal.* 2010. V. 3. P.9-13.
95. Parra D., Méndez S., Cañón J., Dunner S. Genetic differentiation in pointing dog breeds inferred from microsatellites and mitochondrial DNA sequence //

- Anim. Genet. 2008. V. 39(1). P. 1-7. doi: 10.1111/j.1365-2052.2007.01658.x.
96. Pfeiffer I., Völkel I., Täubert H., Brenig B. Forensic DNA-typing of dog hair: DNA-extraction and PCR amplification // *Forensic Sci. Int.* 2004. V. 141(2-3). P. 149-51. doi: 10.1016/j.forsciint.2004.01.016.
97. Pribánová M., Horák P., Schröffelová D., Urban T., Bechynová R., Musilová L. Analysis of genetic variability in the Czech Dachshund population using microsatellite markers // *J. Anim. Breed. Genet.* 2009. V. 126(4). P. 311-318. doi: 10.1111/j.1439-0388.2008.00772.x.
98. Primmer C.R., Matthews M.E. Canine tetranucleotide repeat polymorphism at the VIAS-D10 locus // *Anim. Genet.* 1993. V. 24(4). P. 332. doi: 10.1111/j.1365-2052.1993.tb00334.x.
99. Radko A., Podbielska A. Microsatellite DNA Analysis of Genetic Diversity and Parentage Testing in the Popular Dog Breeds in Poland // *Genes (Basel)*. 2021. V. 12(4). P. 485. doi: 10.3390/genes12040485.
100. Radko A., Rubiś D., Szumiec A. Analysis of microsatellite DNA polymorphism in the Tatra Shepherd Dog // *J. Appl. Anim. Res.* 2017. V. 46(1). P. 1-3. doi:10.1080/09712119.2017.1292912.
101. Ryskov A.P., Jincharadze A.G., Prosnjak M.I., Ivanov P.L., Limborska S.A. M13 phage DNA as a universal marker for DNA fingerprinting of animals, plants and microorganisms // *FEBS Lett.* 1988. V. 233(2). P. 388-392. doi: 10.1016/0014-5793(88)80467-8.
102. Scharnhorst G., Kanthaswamy S. An assessment of scientific and technical aspects of closed investigations of canine forensics DNA--case series from the University of California, Davis, USA // *Croat. Med. J.* 2011. V. 52(3). P. 280-292. doi: 10.3325/cmj.2011.52.280.
103. Shibuya H., Collins B.K., Huang T.H., Johnson G.S. A polymorphic (AGGAAT)<sub>n</sub> tandem repeat in an intron of the canine von Willebrand factor gene // *Anim. Genet.* 1994. V. 25(2). P. 122. doi: 10.1111/j.1365-2052.1994.tb00094.x.
104. Shutler G.G., Gagnon P., Verret G., Kalyn H., Korkosh S., Johnston E., Halverson J. Removal of a PCR inhibitor and resolution of DNA STR types in mixed human-canine stains from a five year old case // *J. Forensic Sci.* 1999. V. 44(3). P. 623-626.
105. Somnay V., Duong T., Tsao R.Y., Prahlow J.A. Crime Scene Analysis Through DNA Testing of Canine Feces-A Case Report // *Acad. Forensic Pathol.* 2020. V. 10(1). P. 56-61. doi: 10.1177/1925362120944743.
106. Sutton M.D., Holmes N.G., Brennan F.B., Binns M.M., Kelly E.P., Duke E.J. A comparative genetic analysis of the Irish greyhound population using multilocus DNA fingerprinting, canine single locus minisatellites and canine microsatellites // *Anim. Genet.* 1998. V. 29(3). P. 168-172. doi: 10.1046/j.1365-2052.1998.00286.x.
107. Tom B.K., Koskinen M.T., Dayton M., Mattila A.M., Johnston E., Fantin D., Denise S., Spear T., Smith D.G., Satkoski J., Budowle B., Kanthaswamy S. Development of a nomenclature system for a canine STR multiplex reagent kit // *J. Forensic Sci.* 2010. V. 55(3). P. 597-604. doi: 10.1111/j.1556-4029.2010.01361.x.
108. Tsuji A., Ishiko A., Kimura H., Nurimoto M., Kudo K., Ikeda N. Unusual death of a baby: a dog attack and confirmation using human and canine STRs // *Int. J. Legal Med.* 2008. V. 122(1). P. 59-62. doi: 10.1007/s00414-006-0150-6.
109. van Asch B., Alves C., Gusmão L., Pereira V., Pereira F., Amorim A. A new autosomal STR nineplex for canine identification and parentage testing // *Electrophoresis*. 2009. V. 30(2). P. 417-423. doi: 10.1002/elps.200800307.
110. van Asch B., Alves C., Pereira F., Gusmão L., Amorim A. A new autosomal STR multiplex for canine genotyping // *Forensic Sci. Int.: Genet. Suppl. Series*. 2008. P. 628-629. doi: 10.1016/j.fsigss.2007.10.043.
111. van Asch B., Pereira F. State-of-the-art and future prospects of canine STR-based genotyping // *Open Forensic Sci. J.* 2010. doi:10.2174/1874402801003010045.
112. van Asch B., Pinheiro R., Pereira R., Alves C., Pereira V., Pereira F., Gusmão L., Amorim A. A framework for the development of STR genotyping in domestic animal species: characterization and population study of 12 canine X-chromosome loci // *Electrophoresis*. 2010. V. 31(2). P. 303-308. doi: 10.1002/elps.200900389.
113. Vassart G., Georges M., Monsieur R., Brocas H., Lequarre A.S., Christophe D. A sequence in M13 phage detects hypervariable minisatellites in human and animal DNA // *Science*. 1987. V. 235(4789). P. 683-684. doi: 10.1126/science.2880398.
114. Vergnaud G., Mariat D., Apiou F., Aurias A., Lathrop M., Lauthier V. The use of synthetic tandem repeats to isolate new VNTR loci: cloning of a human hypermutable sequence // *Genomics*. 1991. V. 11(1). P. 135-144. doi: 10.1016/0888-7543(91)90110-z.
115. Wang M.L., Jin X.Y., Xiong X., Yang J.L., Li J.P., Wang Q., Zhu B.F., Deng Y.J. Polymorphism analyses of 19 STRs in Labrador Retriever population from China and its heterozygosity comparisons with other retriever breeds // *Mol. Biol. Rep.* 2019. V. 46(2). P. 1577-1584. doi: 10.1007/s11033-019-04601-4.
116. Wictum E., Kun T., Lindquist C., Malvick J., Vankan D., Sacks B. Developmental validation of DogFiler, a novel multiplex for canine DNA profiling in forensic casework // *Forensic Sci. Int. Genet.* 2013. V. 7(1). P. 82-91. doi: 10.1016/j.fsigen.2012.07.001.
117. Wong A.K., Ruhe A.L., Dumont B.L., Robertson K.R., Guerrero G., Shull S.M., Ziegler J.S., Millon L.V., Broman K.W., Payseur B.A., Neff M.W. A comprehensive linkage map of the dog genome //

- Genetics. 2010. V. 184(2). P. 595-605. doi: 10.1534/genetics.109.106831.
118. Zajc I., Mellersh C., Kelly E.P., Sampson J. A new method of paternity testing for dogs, based on microsatellite sequences // *Vet. Records*. 1994. V. 135(23). P. 545-7.
119. Zajc I., Mellersh C.S., Sampson J. Variability of canine microsatellites within and between different dog breeds // *Mamm. Genome*. 1997. V. 8(3). P. 182-5. doi: 10.1007/s003359900386.
120. Zajc I., Sampson J. DNA microsatellites in domesticated dogs: application in paternity disputes // *Pflugers Arch*. 1996. V. 431(6 Suppl 2). R201-2. doi: 10.1007/BF02346338.
121. Zajc I., Sampson J., Hered J. Utility of canine microsatellites in revealing the relationships of pure bred dogs // 1999. V. 90(1). P. 104-107. doi: 10.1093/jhered/90.1.104.
122. Zenke P., Egyed B., Zöldág L., Pádár Z. Population genetic study in Hungarian canine populations using forensically informative STR loci // *Forensic Sci. Int. Genet*. 2011. V. 5(1). e31-6. doi: 10.1016/j.fsigen.2010.03.013.
- References**
- Aaspõllu A., Kelve M. The first criminal case in Estonia with dog's DNA data admitted as evidence // *International Congress Series*. 2003. V.1239(1). P.847-851. DOI: 10.1016/S0531-5131(02)00224-8
  - Agrafioti I., Stumpf M.P.H. SNPSTR: a database of compound microsatellite-SNP markers // *Nucleic Acids Res*. 2007. V.35 (Database issue). D71-75. doi: 10.1093/nar/gkl806
  - Allwood J.S., Meredith E., Lindquist C., Breen M. Application of an established canine genotyping method to a sequence-based approach // *Forensic Sci. Int.: Anim. Environm*. 2021. doi: 10.1016/j.fsiae.2021.100029.
  - Altet L., Francino O., Sánchez A. Microsatellite polymorphism in closely related dogs // *J. Hered*. 2001. V. 92(3). P. 276-279. doi: 10.1093/jhered/92.3.276.
  - Anisimov V.A., Garafutdinov R.R., Sagitov A.M., Sakhabutdinova A.R., Khusnutdinova E.K., Aminev F.G., Chemeris A.V. DNA forensics – the origin, present state and future prospects. *Biomics*. 2019. V.11(3). P. 282-314. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2019-26 (In Russian)
  - Barrientos L.S., Crespi J.A., Fameli A., Posik D.M., Morales H., Peral García P., Giovambattista G. DNA profile of dog feces as evidence to solve a homicide // *Leg. Med. (Tokyo)*. 2016. V. 22. P. 54-57. doi: 10.1016/j.legalmed.2016.08.002.
  - Bekaert B., Larmuseau M.H., Vanhove M.P., Opdekamp A., Decorte R. Automated DNA extraction of single dog hairs without roots for mitochondrial DNA analysis // *Forensic Sci. Int. Genet*. 2012. V. 6(2). P. 277-281. doi: 10.1016/j.fsigen.2011.04.009.
  - Berger B., Berger C., Hecht W., Hellmann A., Rohleder U., Schleenbecker U., Parson W. Validation of two canine STR multiplex-assays following the ISFG recommendations for non-human DNA analysis // *Forensic Sci. Int. Genet*. 2014. V. 8(1). P. 90-100. doi: 10.1016/j.fsigen.2013.07.002.
  - Berger B., Berger C., Heinrich J., Niederstätter H., Hecht W., Hellmann A., Rohleder U., Schleenbecker U., Morf N., Freire-Aradas A., McNevin D., Phillips C., Parson W. Dog breed affiliation with a forensically validated canine STR set // *Forensic Sci. Int. Genet*. 2018. V. 37. P. 126-134. doi: 10.1016/j.fsigen.2018.08.005.
  - Berger B., Heinrich J., Niederstätter H., Hecht W., Morf N., Hellmann A., Rohleder U., Schleenbecker U., Berger C., Parson W. Forensic characterization and statistical considerations of the CaDNAP 13-STR panel in 1,184 domestic dogs from Germany, Austria, and Switzerland. CaDNAP Group // *Forensic Sci. Int. Genet*. 2019. V. 42. P. 90-98. doi: 10.1016/j.fsigen.2019.06.017.
  - Berger C., Heinrich J., Berger B., Hecht W., Parson W. On Behalf Of CaDNAP. Towards Forensic DNA Phenotyping for Predicting Visible Traits in Dogs // *Genes (Basel)*. 2021. V. 12(6). P. 908. doi: 10.3390/genes12060908.
  - Binns M.M., Holmes N.G., Marti E., Bowen N. Dog parentage testing using canine microsatellites // *J. Small Anim. Pract*. 1995. V. 36(11). P. 493-497. doi: 10.1111/j.1748-5827.1995.tb02791.x.
  - Blackie R., Taylor D., Linacre A. Successful direct amplification of nuclear markers from single dog hairs using DogFiler multiplex // *Electrophoresis*. 2015. V. 36(17). P. 2082-2085. doi: 10.1002/elps.201400560.
  - Budowle B., Garofano P., Hellman A., Ketchum M., Kanthaswamy S., Parson W., van Haeringen W., Fain S., Broad T. Recommendations for animal DNA forensic and identity testing // *Int. J. Legal Med*. 2005. V. 119(5). P. 295-302. doi: 10.1007/s00414-005-0545-9.
  - Buitkamp J., Ammer H., Geldermann H. DNA fingerprinting in domestic animals // *Electrophoresis*. 1991. V. 12(2-3). P.169-174. doi: 10.1002/elps.1150120212.
  - Chemeris A.V., Aminev F.G., Sharafutdinov R.R., Anisimov V.A., Sagitov A.M., Khusnutdinova E.K., Sahabutdinova A.R., Chemeris D.A., Mikhailenko K.I. DNA criminalistics. M., Nauka. 2022. 25 auth. 1. (In Russian)
  - Chemeris A.V., Chemeris D.A., Magdanov E.G., Garafutdinov R.R., Nagaev N.R., Vakhitov V.A. Causes of false-negative PCR and how to avoid some of them. *Biomics*. 2012. V. 4. P. 31-47. (In Russian).
  - Chemeris D.A., Sagitov A.M., Aminev F.G., Lutsenko V.I., Garafutdinov R.R., Sakhabutdinova A.R., Vasilov R.G., Alexeyev Ya.I., Slominsky P.A., Khusnutdinova E.K., Chemeris A.V. The evolution of approaches to DNA identification of personality. *Biomics*.

2018. V.10(1). P.85-140. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2018-16 (In Russian)
19. Chemeris D.A., Garafutdinov R.R., Sagitov A.M., Sagitova M.A., Mikhailenko K.I., Zubov V.V., Vasilov R.G., Slominsky P.A., Anisimov V.A., Khusnutdinova E.K., Alekseev Ya.I., Kurochkin V.A., Lavrov G.S., Vorobev A.A., Aminev F.G., Chemeris A.V. Microdiplotypes as a new markers for DNA identification. *Biomics*. 2020. V. 12(2). P. 300-317. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2020-17 (In Russian)
20. Chemeris D.A., Giniyatov Yu.R., Garafutdinov R.R., Chemeris A.V. DNA polymorphism of dogs (*Canis familiaris* L.) I. Origin, distribution of dogs in the light of molecular biological data about their mitochondrial and nuclear genomes. *Biomics*. 2021. Vol.13(3). P. 298-308. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2021-21 (In Russian)
21. Ciampolini R., Cecchi F., Spinetti I., Rocchi A., Biscarini F. The use of genetic markers to estimate relationships between dogs in the course of criminal investigations // *BMC Res. Notes*. 2017. V. 10(1). P. 414. doi: 10.1186/s13104-017-2722-6.
22. Clarke M., Vandenberg N. Dog attack: the application of canine DNA profiling in forensic casework // *Forensic Sci. Med. Pathol.* 2010. V. 6(3). P. 151-157. doi: 10.1007/s12024-009-9114-8.
23. Dayton M., Koskinen M.T., Tom B.K., Mattila A.M., Johnston E., Halverson J., Fantin D., DeNise S., Budowle B., Smith D.G., Kanthaswamy S. Developmental validation of short tandem repeat reagent kit for forensic DNA profiling of canine biological material // *Croat. Med. J.* 2009. V. 50(3). P. 268-285. doi: 10.3325/cmj.2009.50.268.
24. DeNise S., Johnston E., Halverson J., Marshall K., Rosenfeld D., McKenna S., Sharp T., Edwards J. Power of exclusion for parentage verification and probability of match for identity in American Kennel Club breeds using 17 canine microsatellite markers // *Anim. Genet.* 2004. V. 35(1). P. 14-7. doi: 10.1046/j.1365-2052.2003.01074.x.
25. Dobosz M., Lancia M., Coletti A., Grasso C., Panarese F., De Iuliis P. Genetic typing of dogs' traces in biological samples // *Forensic Sci.* 2009. P. 283-285. doi:10.1016/j.fsigs.2009.07.004.
26. Eggleston M.L., Irion D.N., Schaffer A.L., Hughes S.S., Draper J.E., Robertson K.R., Millon L.V., Pedersen N.C. PCR multiplexed microsatellite panels to expedite canine genetic disease linkage analysis // *Anim. Biotechnol.* 2002. V. 13(2). P. 223-235. doi: 10.1081/ABIO-120016191.
27. Eichmann C., Berger B., Parson W. A proposed nomenclature for 15 canine-specific polymorphic STR loci for forensic purposes // *Int. J. Legal Med.* 2004. V. 118(5). P. 249-266. doi: 10.1007/s00414-004-0452-5.
28. Eichmann C., Berger B., Parson W. Relevant aspects for forensic STR analysis of canine DNA: Repeat-based nomenclature and sensitive PCR multiplexes // *Int. Congress Series* 2006. doi.org/10.1016/j.ics.2005.11.032.
29. Eichmann C., Berger B., Reinhold M., Lutz M., Parson W. Canine-specific STR typing of saliva traces on dog bite wounds // *Int. J. Legal Med.* 2004. V. 118(6). P. 337-42. doi: 10.1007/s00414-004-0479-7.
30. Eichmann C., Berger B., Steinlechner M., Parson W. Estimating the probability of identity in a random dog population using 15 highly polymorphic canine STR markers // *Forensic Sci. Int.* 2005. V. 151(1). P. 37-44. doi: 10.1016/j.forsciint.2004.07.002.
31. Evans J.J., Wictum E.J., Penedo M.C., Kanthaswamy S. Real-time polymerase chain reaction quantification of canine DNA // *J. Forensic Sci.* 2007. V. 52(1). P. 93-96. doi: 10.1111/j.1556-4029.2006.00305.x.
32. Eyles J. Validation and Database Generation of 100 Canine Microsatellite Profiles for Crime and Paternity Testing. A thesis submitted in fulfilment of the requirements of the degree of Master of Forensic Science (Professional Practice) In the School of Veterinary and Life Sciences Murdoch University. Semester 2, 2019.
33. Francisco L.V., Langston A.A., Mellersh C.S., Neal C.L., Ostrander E.A. A class of highly polymorphic tetranucleotide repeats for canine genetic mapping // *Mamm. Genome*. 1996. V. 7(5). P. 359-362. doi: 10.1007/s003359900104.
34. Fredholm M., Winterø A.K. Variation of short tandem repeats within and between species belonging to the Canidae family // *Mamm. Genome*. 1995. V. 6(1). P. 11-18. doi: 10.1007/BF00350887.
35. Ganço L., Carvalho M., Serra A., Balsa F., Bento A.M., Anjos M.J., Xufre A., Côrte-Real F. Genetic diversity analysis of 10 STR's loci used for forensic identification in canine hair samples // *Forensic Sci.* 2009. doi.org/10.1016/j.fsigs.2009.08.068.
36. Garafutdinov R.R., Gainullina K.P., Kiryanova O.Yu., Yurina A.V., Dolmatova I.Yu., Loginov O.N., Chemeris A.V. DNA polymorphism of horse *Equus caballus* and methods of its detection. *Biomics*. 2020. Vol. 12(2). P. 272-299. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2020-16 (In Russian)
37. Garafutdinov R.R., Sakhabutdinova A.R., Alekseev Ya.I., Chemeris A.V. Gender loci in DNA forensics and women's sports. *Biomics*. 2021. V.13(1). P.54-74. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2021-6
38. Gentilini F., Turba M.E., Andreani G. DNA fingerprinting using microsatellites to solve a parentage testing in the boxer breed // *Vet. Res. Commun.* 2004. V. 28. P.185-188. doi: 10.1023/b:verc.0000045402.24840.71.
39. Georges M., Hilbert P., Lequarré A.S., Leclerc V., Hanset R., Vassart G. Use of DNA bar codes to resolve a canine paternity dispute // *J. Am. Vet. Med. Assoc.* 1988. V. 193(9). P. 1095-1098.
40. Georges M., Lequarré A.S., Castelli M., Hanset R., Vassart G. DNA fingerprinting in domestic animals

- using four different minisatellite probes // *Cytogenet. Cell. Genet.* 1988. V. 47(3). P. 127-131. doi: 10.1159/000132529.
41. Gill P., Jeffreys A.J., Werrett D.J. Forensic application of DNA 'fingerprints' // *Nature.* 1985. V. 318(6046). P. 577-579. doi: 10.1038/318577a0.
42. Giniyatov Yu.R., Chemeris D.A., Yakhin O.I., Garafutdinov R.R., Chemeris A.V. Ancient dogs, dogs and their future. *Biomics.* 2021. V.13(3). P.288-297. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2021-20 (In Russian)
43. Goleman M., Balicki I., Radko A., Rozempolska-Rucińska I., Zięba G. Pedigree and Molecular Analyses in the Assessment of Genetic Variability of the Polish Greyhound // *Animals (Basel).* 2021. V. 11(2). P. 353. doi: 10.3390/ani11020353.
44. Halverson J.L., Basten C. A PCR multiplex and database for forensic DNA identification of dogs // *J. Forensic Sci.* 2005. V. 50(2). P. 352-363.
45. Halverson J.L., Basten C. Forensic DNA identification of animal-derived trace evidence: tools for linking victims and suspects // *Croat. Med. J.* 2005. V. 46(4). P. 598-605.
46. Hart M.L., Meyer A., Johnson P.J., Ericsson A.C. Comparative Evaluation of DNA Extraction Methods from Feces of Multiple Host Species for Downstream Next-Generation Sequencing // *PLoS One.* 2015. V. 10(11). e0143334. doi: 10.1371/journal.pone.0143334.
47. Hellmann A.P., Rohleder U., Eichmann C., Pfeiffer I., Parson W., Schleenbecker U. A proposal for standardization in forensic canine DNA typing: allele nomenclature of six canine-specific STR loci // *J. Forensic Sci.* 2006. V. 51(2). P.274-281. doi: 10.1111/j.1556-4029.2006.00049.x.
48. Hermans I.F., Atkinson J., Hamilton J.F., Chambers G.K. Three cases of disputed paternity in dogs resolved by the use of DNA fingerprinting // *N. Z. Vet J.* 1991. V. 39(2). P. 61-64. doi: 10.1080/00480169.1991.35662
49. Heß SA, Trapani S, Boronat MDM, Theunissen GMG, Rolf B, Jäger R. Ribosomal DNA as target for the assessment of DNA degradation of human and canine DNA // *Leg. Med (Tokyo).* 2021. 48. 101819. doi: 10.1016/j.legalmed.2020.101819
50. Holmes N.G., Dickens H.F., Parker H.L., Binns M.M., Mellersh C.S., Sampson J. Eighteen canine microsatellites // *Anim. Genet.* 1995. V. 26(2). P. 132-133. doi: 10.1111/j.1365-2052.1995.tb02659.x.
51. Holmes N.G., Humphreys S.J., Binns M.M., Curtis R., Holliman A., Scott A.M. Characterization of canine microsatellites // *EXS.* 1993. V. 67. P. 415-420. doi: 10.1007/978-3-0348-8583-6\_41.
52. Holmes N.G., Mellersh C.S., Humphreys S.J., Binns M.M., Holliman A., Curtis R., Sampson J. Isolation and characterization of microsatellites from the canine genome // *Anim. Genet.* 1993. V. 24(4). P. 289-292. doi: 10.1111/j.1365-2052.1993.tb00313.x.
53. Holmes N.G., Strange N.J., Binns M.M., Mellersh C.S., Sampson J. Three polymorphic canine microsatellites // *Anim Genet.* 1994 . V. 25(3). P. 200. doi: 10.1111/j.1365-2052.1994.tb00122.x.
54. Ichikawa Y., Takagi K., Tsumagari S., Ishihama K., Morita M., Kanemaki M., Takeishi M., Takahashi H. Canine parentage testing based on microsatellite polymorphisms // *J. Vet. Med. Sci.* 2001. V. 63(11). P. 1209-1213. doi: 10.1292/jvms.63.1209.
55. Ichikawa Y., Takahashi Y., Tsumagari S., Takeishi M., Ishihama K., Morita M., Kanemaki M., Minezawa M., Takahashi H. Identification and characterization of 40 dinucleotide microsatellites in the dog genome // *Anim. Genet.* 2002. V. 33(5). P. 400-401. doi: 10.1046/j.1365-2052.2002.00896\_16.x.
56. Irion D.N., Schaffer A.L., Famula T.R., Eggleston M.L., Hughes S.S., Pedersen N.C. Analysis of genetic variation in 28 dog breed populations with 100 microsatellite markers // *J. Hered.* 2003. V. 94(1). P. 81-87. doi: 10.1093/jhered/esg004.
57. Jäger R., Heß S.A., Trapani S., Rolf B., Boronat M.D.M., Theunissen G.M.G. Ribosomal DNA as target for the assessment of DNA degradation of human and canine DNA // *Leg. Med. (Tokyo).* 2021. V. 48. 101819. doi: 10.1016/j.legalmed.2020.101819.
58. Jakubczak A., Jezewska G. Walidacja zestawu StockMarks® do identyfikacji osobniczej zwierzt z rodziny psowatych // *Medycyna Wet.* 2008. V. 64(6). P. 832-835.
59. Jeffreys A.J., Brookfield J.F., Semeonoff R. Positive identification of an immigration test-case using human DNA fingerprints // *Nature.* 1985. V. 317(6040). P. 818-819. doi: 10.1038/317818a0.
60. Jeffreys A.J., Morton D.B. DNA fingerprints of dogs and cats // *Anim. Genet.* 1987. V. 18(1). P. 1-15. doi: 10.1111/j.1365-2052.1987.tb00739.x.
61. Jeffreys A.J., Wilson V., Thein S.L. Hypervariable 'minisatellite' regions in human DNA // *Nature.* 1985. V. 314(6006). P. 67-73. doi: 10.1038/314067a0.
62. Jeffreys A.J., Wilson V., Thein S.L. Individual-specific 'fingerprints' of human DNA // *Nature.* 1985. V. 316(6023). P. 76-9. doi: 10.1038/316076a0.
63. Kanthaswamy S. Review: domestic animal forensic genetics - biological evidence, genetic markers, analytical approaches and challenges // *Anim. Genet.* 2015. V. 46(5). P. 473-84. doi: 10.1111/age.12335.
64. Kanthaswamy S. The Development and Validation of a Standardized Canine STR Panel for Use in Forensic Casework / 2009. 63 P. NIJ Grant No. 2004-DN-BX-K007).
65. Kanthaswamy S., Oldt R.F., Montes M., Falak A. Comparing two commercial domestic dog (*Canis*

- familiaris) STR genotyping kits for forensic identity calculations in a mixed-breed dog population sample // *Anim. Genet.* 2019. V. 50(1). P. 105-111. doi: 10.1111/age.12758.
66. Kanthaswamy S., Premasuthan A. Quadriplex real-time PCR (qPCR) assay for human-canine-feline species identification and nuclear DNA quantification // *Forensic Sci. Int. Genet.* 2012. V. 6(3). e97-8. doi: 10.1016/j.fsigen.2011.09.001.
67. Kanthaswamy S., Premasuthan A., Ng J., Satkoski J., Goyal V. Quantitative real-time PCR (qPCR) assay for human-dog-cat species identification and nuclear DNA quantification // *Forensic Sci. Int. Genet.* 2012. V. 6(2). P. 290-295. doi: 10.1016/j.fsigen.2011.06.005.
68. Kanthaswamy S., Tom B.K., Mattila A.M., Johnston E., Dayton M., Kinaga J., Erickson B.J., Halverson J., Fantin D., DeNise S., Kou A., Malladi V., Satkoski J., Budowle B., Smith D.G., Koskinen M.T. Canine population data generated from a multiplex STR kit for use in forensic casework // *J. Forensic Sci.* 2009. V. 54(4). P. 829-840. doi: 10.1111/j.1556-4029.2009.01080.x.
69. Kim K.S., Tanabe Y., Park C.K., Ha J.H. Genetic variability in East Asian dogs using microsatellite loci analysis // *J. Hered.* 2001. V. 92(5). P. 398-403. doi: 10.1093/jhered/92.5.38.9.
70. Kiryanova O.Yu., Garafutdinov R.R., Chemeris D.A., Giniyatov Yu.R., Gubaydullin I.M., Chemeris A.V. DNA polymorphism of dogs (*Canis familiaris* L.) II. RAPD-analysis. *Biomics.* 2021. V.13(3). P. 309-320. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2021-22 (In Russian)
71. Koskinen M.T. Individual assignment using microsatellite DNA reveals unambiguous breed identification in the domestic dog // *Anim. Genet.* 2003. V. 34(4). P. 297-301. doi: 10.1046/j.1365-2052.2003.01005.x.
72. Koskinen M.T., Bredbacka P. A convenient and efficient microsatellite-based assay for resolving parentages in dogs // *Anim. Genet.* 1999. V. 30(2). P. 148-149. doi: 10.1046/j.1365-2052.1999.00438.x.
73. Koskinen M.T., Bredbacka P. Assessment of the population structure of five Finnish dog breeds with microsatellites // *Anim. Genet.* 2000. V. 31(5). P. 310-7. doi: 10.1046/j.1365-2052.2000.00669.x.
74. Kun T., Lyons L.A., Sacks B.N., Ballard R.E., Lindquist C., Wictum E.J. Developmental validation of Mini-DogFiler for degraded canine DNA // *Forensic Sci. Int. Genet.* 2013. V. 7(1). P. 151-158. doi: 10.1016/j.fsigen.2012.09.002.
75. Lee M., Hwang I.K., Jung J.Y., Kim J.Y., Chang M., Moon S. Construction of an in-house allelic ladder for Canine Genotypes Panel 2.1 Kit // *J. Forensic Sci.* 2021. V. 66(6). P. 2362-2368. doi: 10.1111/1556-4029.14812.
76. Liang J.W., Coyle H.M. A short interspersed nuclear element-based quantitative PCR assay for simultaneous human and dog DNA detection and quantification // *Biotechniques.* 2021. V. 70(3). P. 175-180. doi: 10.2144/btn-2020-0144.
77. Linacre A., Gusmão L., Hecht W., Hellmann A.P., Mayr W.R., Parson W., Prinz M., Schneider P.M., Morling N. ISFG: recommendations regarding the use of non-human (animal) DNA in forensic genetic investigations // *Forensic Sci. Int. Genet.* 2011. V. 5(5). P. 501-505. doi: 10.1016/j.fsigen.2010.10.017.
78. Lindblad-Toh K. et al. Genome sequence, comparative analysis and haplotype structure of the domestic dog // *Nature.* 2005. V. 438. P. 803-819. doi: 10.1038/nature04338
79. Lindquist C.D., Wictum E.J. Less is More - Optimization of DNA Extraction from Canine Feces // *J. Forensic Sci.* 2016. V. 61(1). P. 212-218. doi: 10.1111/1556-4029.12913.
80. Mariat D., Amigues Y., Boscher M.Y. Eight canine tetranucleotide repeats // *Anim. Genet.* 1998. V. 29(2). P. 156-157.
81. Mariat D., Kessler J.L., Vaiman D., Panthier J.J. Polymorphism characterization of five canine microsatellites // *Anim. Genet.* 1996. V. 27(6). P. 434-435. doi: 10.1111/j.1365-2052.1996.tb00514.x.
82. Mariat D., Robert L. Dog genetic polymorphism revealed by synthetic tandem repeats // *EXS.* 1993. V. 67. P. 411-414. doi: 10.1007/978-3-0348-8583-6\_40.
83. Mitsouras K., Faulhaber E.A. Saliva as an alternative source of high yield canine genomic DNA for genotyping studies // *BMC Res. Notes.* 2009. V. 29. P. 219. doi: 10.1186/1756-0500-2-219.
84. Molyneux K., Batt R.M. Five polymorphic canine microsatellites // *Anim. Genet.* 1994. V. 25(5). P. 379. doi: 10.1111/j.1365-2052.1994.tb00395.x.
85. Moon S.H., Jang Y.J., Han M.S., Cho M.H. Population genetic study of 10 short tandem repeat loci from 600 domestic dogs in Korea // *J. Vet. Sci.* 2016. V. 17(3). P. 391-398. doi: 10.4142/jvs.2016.17.3.391.
86. Morera L., Barba C.J., Garrido J.J., Barbancho M., de Andrés D.F. Genetic variation detected by microsatellites in five Spanish dog breeds // *J. Hered.* 1999. V. 90(6). P. 654-656. doi: 10.1093/jhered/90.6.654.
87. Müller S., Flekna G., Müller M., Brem G. Use of canine microsatellite polymorphisms in forensic examinations // *J. Hered.* 1999. V. 90(1). P. 55-56. doi: 10.1093/jhered/90.1.55.
88. Ogden R., Mellanby R.J., Clements D., Gow A.G., Powell R., McEwing R. Genetic data from 15 STR loci for forensic individual identification and parentage analyses in UK domestic dogs (*Canis lupus familiaris*) // *Forensic Sci. Int. Genet.* 2012. V. 6(2). e63-5. doi: 10.1016/j.fsigen.2011.04.015.
89. Ostrander E.A., Mapa F.A., Yee M., Rine J. One hundred and one new simple sequence repeat-based markers for the canine genome// *Mamm Genome.* 1995. V.6(3). P.192-5. doi: 10.1007/BF00293011.



90. Ostrander EA, Sprague GF Jr, Rine J. Identification and characterization of dinucleotide repeat (CA)<sub>n</sub> markers for genetic mapping in dog // *Genomics*. 1993. V.16(1). P.207-213. doi: 10.1006/geno.1993.1160.
91. Pádár Z., Egyed B., Kontadakis K., Füredi S., Woller J., Zöldág L., Fekete S. Canine STR analyses in forensic practice. Observation of a possible mutation in a dog hair // *Int. J. Legal Med.* 2002. V. 116(5). P. 286-8. doi: 10.1007/s00414-002-0302-2.
92. Parker H.G., Kim L.V., Sutter N.B., Carlson S., Lorentzen T.D., Malek T.B., Johnson G.S., DeFrance H.B., Ostrander E.A., Kruglyak L. Genetic structure of the purebred domestic dog // *Science*. 2004. V. 304(5674). P. 1160-1164. doi: 10.1126/science.1097406.
93. Parra D., García D., Méndez S., Cañón J., Dunner S. High Mutation Rates in Canine Tetranucleotide Microsatellites: Too Much Risk for Genetic Compatibility Purposes? // *The Open Forensic Science Journal*. 2010. V. 3. P.9-13.
94. Parra D., Méndez S., Cañón J., Dunner S. Genetic differentiation in pointing dog breeds inferred from microsatellites and mitochondrial DNA sequence // *Anim. Genet.* 2008. V. 39(1). P. 1-7. doi: 10.1111/j.1365-2052.2007.01658.x.
95. Pfeiffer I., Völkel I., Täubert H., Brenig B. Forensic DNA-typing of dog hair: DNA-extraction and PCR amplification // *Forensic Sci. Int.* 2004. V. 141(2-3). P. 149-51. doi: 10.1016/j.forsciint.2004.01.016.
96. Pribánová M., Horák P., Schröffelová D., Urban T., Bechynová R., Musilová L. Analysis of genetic variability in the Czech Dachshund population using microsatellite markers // *J. Anim. Breed. Genet.* 2009. V. 126(4). P. 311-318. doi: 10.1111/j.1439-0388.2008.00772.x.
97. Primmer C.R., Matthews M.E. Canine tetranucleotide repeat polymorphism at the VIAS-D10 locus // *Anim. Genet.* 1993. V. 24(4). P. 332. doi: 10.1111/j.1365-2052.1993.tb00334.x.
98. Radko A., Podbielska A. Microsatellite DNA Analysis of Genetic Diversity and Parentage Testing in the Popular Dog Breeds in Poland // *Genes (Basel)*. 2021. V. 12(4). P. 485. doi: 10.3390/genes12040485.
99. Radko A., Rubiś D., Szumiec A. Analysis of microsatellite DNA polymorphism in the Tatra Shepherd Dog // *J. Appl. Anim. Res.* 2017. V. 46(1). P. 1-3. doi:10.1080/09712119.2017.1292912.
100. Ryskov A.P., Jincharadze A.G., Prosnjak M.I., Ivanov P.L., Limborska S.A. M13 phage DNA as a universal marker for DNA fingerprinting of animals, plants and microorganisms // *FEBS Lett.* 1988. V. 233(2). P. 388-392. doi: 10.1016/0014-5793(88)80467-8.
101. Sakhabutdinova A.R., Chemeris D.A., Garafutdinov R.R., Giniyatov Yu.R., Aminev F.G., Chemeris A.V. DNA polymorphism of dogs (*Canis familiaris*) and its application. IV. mtDNA. *Biomics*. 2021. V.13(3). P.347-359. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2021-24 (In Russian)
102. Scharnhorst G., Kanthaswamy S. An assessment of scientific and technical aspects of closed investigations of canine forensics DNA--case series from the University of California, Davis, USA // *Croat. Med. J.* 2011. V. 52(3). P. 280-292. doi: 10.3325/cmj.2011.52.280.
103. Shibuya H., Collins B.K., Huang T.H., Johnson G.S. A polymorphic (AGGAAT)<sub>n</sub> tandem repeat in an intron of the canine von Willebrand factor gene // *Anim. Genet.* 1994. V. 25(2). P. 122. doi: 10.1111/j.1365-2052.1994.tb00094.x.
104. Shutler G.G., Gagnon P., Verret G., Kalyn H., Korkosh S., Johnston E., Halverson J. Removal of a PCR inhibitor and resolution of DNA STR types in mixed human-canine stains from a five year old case // *J. Forensic Sci.* 1999. V. 44(3). P. 623-626.
105. Somnay V., Duong T., Tsao R.Y., Prahlow J.A. Crime Scene Analysis Through DNA Testing of Canine Feces-A Case Report // *Acad. Forensic Pathol.* 2020. V. 10(1). P. 56-61. doi: 10.1177/1925362120944743.
106. Sutton M.D., Holmes N.G., Brennan F.B., Binns M.M., Kelly E.P., Duke E.J. A comparative genetic analysis of the Irish greyhound population using multilocus DNA fingerprinting, canine single locus minisatellites and canine microsatellites // *Anim. Genet.* 1998. V. 29(3). P. 168-172. doi: 10.1046/j.1365-2052.1998.00286.x.
107. Tom B.K., Koskinen M.T., Dayton M., Mattila A.M., Johnston E., Fantin D., Denise S., Spear T., Smith D.G., Satkoski J., Budowle B., Kanthaswamy S. Development of a nomenclature system for a canine STR multiplex reagent kit // *J. Forensic Sci.* 2010. V. 55(3). P. 597-604. doi: 10.1111/j.1556-4029.2010.01361.x.
108. Tsuji A., Ishiko A., Kimura H., Nurimoto M., Kudo K., Ikeda N. Unusual death of a baby: a dog attack and confirmation using human and canine STRs // *Int. J. Legal Med.* 2008. V. 122(1). P. 59-62. doi: 10.1007/s00414-006-0150-6.
109. van Asch B., Alves C., Gusmão L., Pereira V., Pereira F., Amorim A. A new autosomal STR nineplex for canine identification and parentage testing // *Electrophoresis*. 2009. V. 30(2). P. 417-423. doi: 10.1002/elps.200800307.
110. van Asch B., Alves C., Pereira F., Gusmão L., Amorim A. A new autosomal STR multiplex for canine genotyping // *Forensic Sci. Int.: Genet. Suppl. Series*. 2008. P. 628-629. doi: 10.1016/j.fsigss.2007.10.043.
111. van Asch B., Pereira F. State-of-the-art and future prospects of canine STR-based genotyping // *Open Forensic Sci. J.* 2010. doi: 10.2174/1874402801003010045.
112. van Asch B., Pinheiro R., Pereira R., Alves C., Pereira V., Pereira F., Gusmão L., Amorim A. A framework for the development of STR genotyping in

- domestic animal species: characterization and population study of 12 canine X-chromosome loci // *Electrophoresis*. 2010. V. 31(2). P. 303-308. doi: 10.1002/elps.200900389.
113. Vassart G., Georges M., Monsieur R., Brocas H., Lequarre A.S., Christophe D. A sequence in M13 phage detects hypervariable minisatellites in human and animal DNA // *Science*. 1987. V. 235(4789). P. 683-684. doi: 10.1126/science.2880398.
114. Vergnaud G., Mariat D., Apiou F., Aurias A., Lathrop M., Lauthier V. The use of synthetic tandem repeats to isolate new VNTR loci: cloning of a human hypermutable sequence // *Genomics*. 1991. V. 11(1). P. 135-144. doi: 10.1016/0888-7543(91)90110-z.
115. Wang M.L., Jin X.Y., Xiong X., Yang J.L., Li J.P., Wang Q., Zhu B.F., Deng Y.J. Polymorphism analyses of 19 STRs in Labrador Retriever population from China and its heterozygosity comparisons with other retriever breeds // *Mol. Biol. Rep.* 2019. V. 46(2). P. 1577-1584. doi: 10.1007/s11033-019-04601-4.
116. Wictum E., Kun T., Lindquist C., Malvick J., Vankan D., Sacks B. Developmental validation of DogFiler, a novel multiplex for canine DNA profiling in forensic casework // *Forensic Sci. Int. Genet.* 2013. V. 7(1). P. 82-91. doi: 10.1016/j.fsigen.2012.07.001.
117. Wong A.K., Ruhe A.L., Dumont B.L., Robertson K.R., Guerrero G., Shull S.M., Ziegle J.S., Millon L.V., Broman K.W., Payseur B.A., Neff M.W. A comprehensive linkage map of the dog genome // *Genetics*. 2010. V. 184(2). P. 595-605. doi: 10.1534/genetics.109.106831.
118. Zajc I., Mellersh C., Kelly E.P., Sampson J. A new method of paternity testing for dogs, based on microsatellite sequences // *Vet. Records*. 1994. V. 135(23). P. 545-7.
119. Zajc I., Mellersh C.S., Sampson J. Variability of canine microsatellites within and between different dog breeds // *Mamm. Genome*. 1997. V. 8(3). P. 182-5. doi: 10.1007/s003359900386.
120. Zajc I., Sampson J. DNA microsatellites in domesticated dogs: application in paternity disputes // *Pflugers Arch.* 1996. V. 431(6 Suppl 2). R201-2. doi: 10.1007/BF02346338.
121. Zajc I., Sampson J., Hered J. Utility of canine microsatellites in revealing the relationships of pure bred dogs // 1999. V. 90(1). P. 104-107. doi: 10.1093/jhered/90.1.104.
122. Zenke P., Egyed B., Zöldág L., Pádár Z. Population genetic study in Hungarian canine populations using forensically informative STR loci // *Forensic Sci. Int. Genet.* 2011. V. 5(1). e31-6. doi: 10.1016/j.fsigen.2010.03.013.