



БИОМИКА/BIOMICS

ISSN 2221-6197 <http://biomicsj.ru>



ДНК-КРИМИНАЛИСТИКА – ЗАРОЖДЕНИЕ, СОВРЕМЕННОСТЬ И ПЕРСПЕКТИВЫ

Анисимов В.А.¹, Гарафутдинов Р.Р.², Сагитов А.М.³, Сахабутдинова А.Р.²,
Хуснутдинова Э.К.², Аминев Ф.Г.¹, Чемерис А.В.²

¹Башкирский государственный университет, Россия, 450076, Уфа, ул. Заки Валиди, 32

²Институт биохимии и генетики – обособленное структурное подразделение Федерального государственного бюджетного научного учреждения Уфимского федерального исследовательского центра Российской академии наук, Россия, 450054, Уфа, пр. Октября, 71, chemeris@anrb.ru

³НКО «Фонд развития промышленности Республики Башкортостан», Россия, 450101, Уфа, ул. К.Маркса, 3

Резюме

В статье приведены основные вехи в ДНК-криминалистике. Дана краткая историческая справка о развитии подходов к ДНК-идентификации личности, делая акцент на современном состоянии дел в этой области. Главное внимание уделено появлению и формированию криминалистических баз данных ДНК и их распространению по миру. Отдельный интерес проявлен к перспективам организации универсальных баз данных ДНК, охватывающих все население, в связи с чем вопросы ДНК-цифровизации и используемый тип полиморфизма человеческого генома выходят на передний план. Продемонстрирован крайне низкий уровень цифровизации первичных данных при использовании STR-локусов, особенно ярко проявляющийся себя при применении методов массового параллельного секвенирования ДНК новых поколений, тогда как однонуклеотидный полиморфизм имеет высочайший уровень ДНК-цифровизации и позволяет формировать высокоорганизованные базы данных с четко фиксированными границами. Рассмотрены также этические стороны ДНК-регистрации населения и будущее ДНК-криминалистики в связи с функционированием соответствующих баз данных.

Ключевые слова: ДНК, ДНК-криминалистика, VNTR-локусы, STR-локусы, SNP, однонуклеотидный полиморфизм, снпы, база данных ДНК, универсальная база данных, цифровизация

Цитирование: Анисимов В.А., Гарафутдинов Р.Р., Сагитов А.М., Сахабутдинова 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

© Автор(ы)

DNA FORENSICS – THE ORIGIN, PRESENT STATE AND FUTURE PROSPECTS

¹Anisimov V.A., ²Garafutdinov R.R., ³Sagitov A.M., ²Sakhabutdinova A.R.,
²Khusnutdinova E.K., ¹Aminev F.G., ²Chemeris A.V.

¹Bashkir State University, 32 Zaki Validi str., 450076, Ufa, Russia

²Institute of Biochemistry and Genetics, Ufa Federal Research Center, Russian Academy of Sciences,
71 Prospekt Oktyabrya, 450054, Ufa, Russia, chemeris@anrb.ru

³NCO "Industrial development Fund of the Republic of Bashkortostan", 3 K. Marksa str., Ufa, 450101, Russia,

Resume

The article presents the main milestones in DNA forensics. A brief historical background on the development of approaches to DNA identification of personality, focusing on the current state in this area. The main attention is paid to the emergence and formation of forensic DNA databases and their distribution around the world. Particular interest is shown to the prospects of the organization of universal DNA

databases covering the entire population, in connection with which the issues of DNA digitalization and the type of polymorphism of the human genome used come to the fore. The extremely low level of digitization of primary data using STR-loci is demonstrated, which is especially evident when using methods of massive parallel sequencing of DNA of new generations, whereas single-nucleotide polymorphism have the highest level of DNA digitization and allow to form highly organized databases with clearly fixed boundaries. The ethical aspects of DNA-registration of the population and the future of DNA forensics in connection with the functioning of relevant databases are also considered.

Keywords: DNA, DNA-criminalistics, VNTR-loci, STR-loci, SNP, single-nucleotide polymorphism, DNA database, universal DNA database, digitalizing

Citation: 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)

© The Author(s)

Введение

В 2019 году исполняется 150 лет с момента обнаружения ДНК — одного из самых важных открытий в науках о Жизни, сделанного молодым швейцарским ученым Фридрихом Мишером, выделившим в 1869 г. ранее неизвестное, богатое фосфором вещество из ядер лейкоцитов гноя, назвав его нуклеином [Miescher, 1871].¹ Однако прошло почти столетие, прежде чем важность этого открытия была оценена. Так, в 1944 г. стало ясно, что ДНК отвечает за хранение и передачу наследственной информации [Avery et al., 1944], а в 1953 г. Джеймс Уотсон и Фрэнсис Крик раскрыли структуру ДНК в виде двойной спирали [Watson, Crick, 1953], изображение которой фактически стало символом современной физико-химической биологии. После этих работ интерес к ДНК резко усилился, и были совершены новые важные открытия, среди которых прямое отношение к теме данной статьи имеет работа англичанина Алека Джеффриса, в 1985 году предложившего использовать отличия молекул ДНК (полиморфизм ДНК) у разных людей для их ДНК-идентификации [Jeffreys et al., 1985; Gill et al., 1985], что послужило началом возникновения ДНК-криминалистики. Помимо многочисленных наград и премий, которые были вручены А.Джеффрису, он за эту свою разработку получил также титул сэра, что дополнительно свидетельствует о важности его открытия. За три с лишним десятилетия, прошедших с тех работ, ДНК-криминалистика прошла большой путь совершенствования подходов, используемых

для ДНК-идентификации личности, что подробно рассмотрено нами ранее [Чемерис и др. (Chemeris et al.), 2018]. Чтобы не быть здесь голословными, утверждая, что ДНК-криминалистика сильно эволюционировала за прошедшие годы, приведем наиболее ключевые моменты ее развития (таблица 1). Также коротко остановимся лишь на самых основных подходах, применявшихся и применяющихся в широких масштабах, уделив внимание также ДНК-цифровизации и соответствующим базам данных.

Безусловно, значимость тех или иных событий разная, но, тем не менее, из данной таблицы можно видеть огромные усилия большой армии ученых, посвятивших себя ДНК-криминалистике и всесторонне улучшавших достоверность ДНК-идентификации личности на протяжении многих лет. Выделение разным фоном наглядно показывает, что в ранние годы в ДНК-криминалистике преобладали подходы, основанные на минисателлитах (желтый фон), затем пришел черед микросателлитных последовательностей (зеленый фон), которые, впрочем, остаются доминирующими до сих пор. Однако в последние годы стали превалировать исследования, разрабатывающие новые способы ДНК-идентификации личности, основанные на однонуклеотидном полиморфизме или иначе снипах (розовый фон). В строках с серым фоном приведено использование других типов полиморфных состояний генома человека или смешанных подходов, которые также характерны для исследований в области ДНК-криминалистики последних лет. Причем там, где в них задействованы снипы эти строки дополнительно к серому имеют розовый фон.

¹ В данном выпуске Биомики имеется ряд статей, специально посвященных истории открытия нуклеина и ранним годам изучения нуклеиновых кислот [Byrne, Dahm, 2019; Геращенко и др. (Gerashchenkov et al.), 2019; Гарафутдинов, Чемерис (Garafutdinov, Chemeris), 2019]

Таблица 1*

Основные вехи** в ДНК-криминалистике при ДНК-идентификации личности

Годы	ДНК-полиморфизм, способы детекции, события	Ссылки / Комментарии
1985	VNTR-RFLP-MLP	Jeffreys et al., 1985; Gill et al., 1985
1986 - 1989	HLA-DQA1 (снимы)	Saiki et al., 1986; 1989; Bugawan et al., 1988
1987	VNTR-RFLP-SLP	Nakamura et al., 1987; Wong et al., 1987
1988	VNTR-PCR	Jeffreys et al., 1988
1988 - 1991	STR	Weber, May, 1988; Litt, Luty, 1989; Edwards et al., 1991
1989	VNTR-AMP-FLP	Horn et al., 1989
1990	CODIS (VNTR-AMP-FLP)	пилотный проект в FBI*** и ряде штатов США
1991	MVR-PCR	Jeffreys et al., 1991
1991	Гендерные локусы	Nakahori et al., 1991
1992	локусы AB0	Lee, Chang, 1992
1993	fluorescent STR	Frégeau, Fourney, 1993; Kimpton et al., 1993
1993	SNP	Syvänen et al., 1993
1993	Alu-повторы	Novick et al., 1993
1994	Первый коммерческий STR-набор фирмы Promega	с детекцией серебром
1994	Polymarker DNA test (PM)	Herrin et al., 1994
1995	Первая национальная база ДНК-данных (Англия)	Criminal Justice and Public Order Act 1994
1995	PM+DQA1	Budowle et al., 1995
1997	Y-STR	Prinz et al., 1997
1998	STR-CE	Buel et al., 1998
1998	CODIS (STR)	во всех штатах США
1998	снимы митохондриального генома	Butler, Levin, 1998
1999	miniSTR	Ricci et al., 1999; Wiegand et al., 1999
2000	Завершение использования VNTR-локусов	для ДНК-криминалистики
2001	Y-SNP	Jobling et al., 2001
2001	фенотипирование	Grimes et al., 2001
2002	SNPSTR	Mountain et al., 2002
2002	SNPforID консорциум	в настоящее время прекратил существование
2009	Indels	Pereira et al., 2009
2010	STR-MPS	Divne et al., 2010
2010	микробиом человека	Fierer et al., 2010
2010	микрогаплотипы	Ge et al., 2010
2013	DIP-STR	Castella et al., 2013
2013	метилование	Grskovic et al., 2013
2016	SNP-MPS	Van Neste et al., 2016
2018	DIP-SNP	Liu et al., 2018

* в данной таблице намеренно не приведены расшифровки разных терминов, обозначающих различные типы полиморфизма ДНК, поскольку эта таблица призвана только продемонстрировать масштабность применения и развития методов ДНК-идентификации личности, их разнообразие. При этом некоторые сокращения будут расшифрованы в ходе дальнейшего изложения. При необходимости все они могут быть найдены в другой нашей статье – Чемерис и др. (Chemeris et al.), 2018.

** сделанный выбор достижений и/или событий не претендует на исчерпывающую полноту

*** Federal Bureau of Investigations

Поскольку в данной статье затронуты вопросы зарождения, становления ДНК-идентификации личности, а также нынешнее состояние дел в этой области, включая перспективы дальнейшего развития, то было логично выделить

разные периоды, связанные в первую очередь с типами полиморфизма ДНК и технологиями его выявления. Под ранними годами ДНК-криминалистики следует понимать период использования разными странами отличающихся

подходов. Можно считать, что этот период закончился в конце 1990-х годов, после того как практически повсеместно правоохранительные органы перешли на массовое использование одного типа полиморфизма ДНК в виде STR-локусов (Short Tandem Repeat) и полностью было прекращено использование минисателлитных повторов или VNTR-локусов (Variable Number of Tandem Repeats) для ДНК-идентификации преступников. Наступивший затем период использования единообразного подхода к ДНК-идентификации личности, основанный на микросателлитных последовательностях или STR-локусах, в свою очередь можно подразделить на ряд этапов, в том числе, характеризующихся разными уровнями цифровизации получаемых данных, что будет сделано в ходе дальнейшего рассмотрения процедур ДНК-идентификации личности, напрямую связанных с формированием соответствующих баз данных.

Ранние годы ДНК-криминалистики

Итак, ДНК-криминалистика берет начало с середины 1980-х гг. когда сравнивался полиморфизм минисателлитных последовательностей ДНК, выявляемых с помощью мультилокусных проб [Jeffreys et al., 1985; Gill et al., 1985], получивших несколько позже после перехода на использование однолокусных проб название «VNTR-локусы» [Nakamura et al., 1987] с коровыми мотивами от 16 до 86 пар нуклеотидов, ставших первым поколением маркерных характеристик ДНК человека, пригодных для ДНК-идентификации личности. Коммерциализация этих результатов не заставила себя долго ждать [Newmark, 1986] и в 1987 г. в Англии возникла частная компания Cellmark Diagnostics, реализовывавшая гибридизационные зонды 33.15 и 33.6, называемые также «пробами Джеффриса», которые до сих пор сохранились в Институте биохимии и генетики УФИЦ РАН² (рис. 1).

В 1987 году в Англии была создана государственная структура Forensic Science Service, а в США образовалась фирма Lifecodes Corporation. В конце 1988 г. в США при ФБР была создана специальная лаборатория, также занявшаяся ДНК-идентификацией личности. Причем она стала использовать рестрикционную эндонуклеазу *HaeIII*, тогда как Cellmark и Lifecodes использовали ферменты *HinfI* и *PstI* соответственно.

² Отдельные авторы данной статьи еще с конца 1980-х годов имеют некоторое отношение к ДНК-идентификации личности, когда основным типом полиморфизма ДНК, используемым для этих целей были минисателлитные локусы и основным методом была блот-гибридизация с мультилокусными пробами.



Рис. 1. Сохранившиеся до настоящего времени в Институте биохимии и генетики УФИЦ РАН гибридизационные зонды 33.15 и 33.6 фирмы Cellmark Diagnostics (Англия)

Получаемые на основе VNTR-локусов электрофоретические картины, называемые ДНК-фingerprintами, представляли собой довольно плохо поддающуюся сравнению информацию ввиду невозможности стандартизировать условия проведения каждого эксперимента так, чтобы из раза в раз для одного и того же человека картины полос ДНК были абсолютно идентичными. И при сопоставлении таких аналоговых изображений всегда было необходимо принимать во внимание пусть и незначительные, но при этом неизбежные отклонения в электрофоретической подвижности буквально всех берущихся в анализ полос ДНК. Таким образом, сравнение подобных ДНК-фingerprintов разных людей (причем, как правило, разделенных именно в одном гель-электрофореze) велось фактически визуально по принципу «похоже / не похоже». При этом в первые годы применения VNTR-локусов размеры анализируемых фрагментов ДНК, как можно видеть из рис. 2, обычно укладывались в диапазон 500 - 5000 пар нуклеотидов (в этой зоне обнаруживалось превалирующее количество полос), что абсолютно исключало возможность их точной оцифровки на основе их длин с одной стороны, а с другой - требовалось наличие молекул ДНК столь крупного размера, которые в оставленных биологических следах криминального происхождения, в обгорелых останках далеко не всегда сохраняются. К тому же для анализа было необходимо иметь очень большое количество ДНК, которое также не всегда удавалось выделить из биологических следов-улик.



Рис. 2. Фрагмент радиоавтографа с ДНК-фингерпринтами разных людей, выявленных блот-гибридизацией с гипервариабельной пробой фага M13, после расщепления ДНК рестрикционной эндонуклеазой *BspRI* (Уфа, 1990 год). Крайняя правая дорожка – маркерная ДНК фага лямбда, расщепленная рестрикционной эндонуклеазой *HindIII* и меченная по концам ^{32}P с помощью Кленовского фрагмента ДНК полимеразы I *E.coli* – видны фрагменты размерами 23130, 9416, 6557, 4361, 2322 и 2027 пар нуклеотидов.

После разработки метода ПЦР [Saiki et al., 1988] появилась возможность за счет амплификации оперировать уже небольшими количествами исходной ДНК, и новый подход получил название АМР-FLP (Amplified Fragment-Length Polymorphism) [Horn et al., 1989]. При этом он сопровождался уменьшением длины анализируемых фрагментов, которые стали лишь незначительно превышать 1000 пар нуклеотидов, что все равно излишне много для определения их точных размеров. К этому времени мультилокусные гибридационные пробы были заменены однолокусными, в результате чего снизилась дискриминирующая способность данного анализа, но

такие электрофоретические картины стало гораздо легче интерпретировать. При использовании мультилокусных проб серьезной проблемой было то, что под одной электрофоретической полосой у одного человека могло скрываться, например, два фрагмента ДНК одинакового или близкого размера, а у другого – 1 или 3, либо 4 (что как раз можно наблюдать на рис. 2), но провести их дискриминацию было практически невозможно, что оставляло «лазейку» для защиты на судебных процессах.

Для того чтобы все же было можно проводить заочное сравнение ДНК предполагаемого преступника с ДНК-фингерпринтами, хранящимися в локальных базах данных, разрабатывались методы межлабораторного сравнения результатов, где большое внимание уделялось определению допустимых отклонений в подвижностях тех или иных фрагментов ДНК, чтобы их еще правомерно можно было считать одинаковыми, чему посвящены даже целые серии статей [Mudd et al., 1994; Duewer et al., 1995; Stolorow et al., 1996; Duewer et al., 1997]. Например, фирма Lifecodes Corporation в своей базе данных допускала отклонение в 2,4%, что позволяло более-менее точно дифференцировать образцы ДНК [Risch, Devlin, 1992]. Уже одно это говорит, что аналоговая информация, получаемая при ДНК-идентификации личности на основе VNTR-локусов, абсолютно непригодна для ее однозначной оцифровки и хранения в истинно цифровом виде, как экономящим дисковое пространство, так и ускоряющим поиск по базам данных. К тому же, помимо разных гибридационных проб, в Англии и в США для расщепления ДНК, как уже отмечалось выше, в том числе до внедрения метода ПЦР использовались разные рестрикционные эндонуклеазы, что также исключало возможность сравнения результатов ДНК-фингерпринтирования, даже если бы гибридационные пробы были одинаковыми.

Однако, несмотря на все недостатки этого способа ДНК-идентификации личности, использование VNTR-локусов, оказавшись первым, сыграло огромную роль в судебных разбирательствах, и на протяжении почти целого десятилетия довольно широко применялось, помогая свершиться правосудию в отношении виновных и не давая исказить судьбу невинных, убедив тем самым общество в необходимости применения для идентификации людей различий их ДНК.

Во второй половине 1980-х годов для ДНК-идентификации личности было предложено использовать аллели генов главного комплекса гистосовместимости HLA-DQA1, которые можно было амплифицировать с помощью ПЦР, после чего появлялась возможность специфичной детекции продуктов амплификации путем дот-блот-гибридизации с радиоактивно меченными олигонуклеотидными зондами, отличающимися

единичными заменами нуклеотидов [Saiki et al., 1986]. Фактически это было первое использование снипов (которые так тогда еще не называли) для ДНК-идентификации личности. Серьезное улучшение этого метода было произведено пару лет спустя, когда радиоактивность была заменена на модифицированные олигонуклеотиды, которые можно было пометить пероксидазой хрена и использовать цветной субстрат [Bugawan et al., 1988]. Применение термостабильной ДНК-полимеразы и праймеров, меченных по 5'-концу биотином, в купе с обратной дот-блот-гибридизацией с иммобилизованными олигонуклеотидными зондами, несущими замены нуклеотидов для детекции основных шести типов HLA-DQA1 локусов, позволило дополнительно улучшить данный метод [Saiki et al., 1989]. В 1990 г. на основе этих результатов фирма Cetus Corporation выпустила специальный набор Alpha AmpliType. Позже концерн Perkin-Elmer/Roche стал производить набор AmpliType PM+DQA1, добавив к исходному комплекту пять локусов, названных Polymarker. Однако дискриминирующая сила PM+DQA1 набора была невелика, позволяя достоверно искать совпадения лишь для десяти тысячи индивидов. Тем не менее, данный набор использовался для криминалистических целей, но создавать на его основе имеющие высокую значимость базы данных не имело большого смысла, хотя здесь можно заметить, что, например в Сербии при создании в этой стране в конце 1990-х годов собственной криминалистической базы ДНК-данных она основывалась первое время на системе Polymarker [Teodorovic et al., 2017].

На рубеже 1980 - 90-х гг. внимание криминалистов-биологов оказалось обращено на другой тип более коротких tandemных повторов ДНК – STR-локусы, коровые мотивы которых имеют размеры от 2 до 6 пар нуклеотидов [Weber, May, 1988; Litt, Luty, 1989; Edwards et al., 1991]. Ввиду ряда преимуществ микросателлитные STR-локусы стали удобной альтернативой минисателлитным VNTR-локусам и с середины 1990-х гг. нашли широкое применение для идентификации личности. Весьма серьезным преимуществом использования STR-локусов оказались меньшие по размеру анализируемые фрагменты ДНК (не превышающие обычно 450 пар нуклеотидов), позволяющие устанавливать их размеры с точностью до нуклеотида. Однако для сильно поврежденных образцов и такая длина бывает крайне большой и в этих случаях рекомендуется использовать так называемые miniSTR-локусы [Ricci et al., 1999; Wiegand et al., 1999], характеризующиеся расположением мест отжига праймеров ближе к непосредственно микросателлитным повторам, что способствует дальнейшему уменьшению размеров ампликонов (до

200 пар нуклеотидов), что, впрочем, для сильно разрушенных образцов также малоприспособно.

Несмотря на имеющиеся преимущества, использование STR-локусов не лишено серьезных недостатков, как присущих VNTR-локусам, так и своих собственных. Так, анализ VNTR- и STR-полиморфизма предполагает определение размеров фрагментов ДНК, отличающихся у разных людей числом соответственно мини- или микросателлитных повторов, что осуществляется с помощью довольно трудоемкой и достаточно длительной процедуры гель-электрофореза. Новым, типичным именно для STR-локусов недостатком явились ошибки ДНК-полимеразы, приводящие к появлению ампликонов, называемых «статтерными» с нехарактерными размерами из-за ошибок ДНК-полимеразы при репликации в виде «проскальзывания» цепей ДНК, несущих множественные короткие повторы.

Начавшийся в начале 2000-х годов новый этап развития и совершенствования ДНК-идентификации личности на основе STR-локусов продолжается и поныне, но в последние годы появившиеся передовые технологии секвенирования ДНК при их внедрении в процесс ДНК-идентификации внесли, помимо важной дополнительной информации, еще и массу проблем, о которых будет говориться ниже.

Криминалистические базы данных ДНК ранних лет

Фактически первая криминалистическая база данных ДНК была сформирована еще в 1987 г. в Англии при розыске маньяка-насильника, когда в графстве Лестершир с разницей в три года были совершены изнасилования и убийства двух девочек-подростков, причем анализ обнаруженной в обоих случаях спермы показал, что преступником является один и тот же человек. Полиция в короткий срок собрала образцы крови всего мужского населения двух соседних городков в возрасте от 13 до 30 лет (около 5 тысяч человек), анализ которых провели по методу уже упоминавшегося Алека Джеффриса, как раз работавшего в Лестерском университете. Это был первый случай применения на практике ДНК-дактилоскопии для поимки преступника. Однако созданная база данных не помогла выявить насильника, поскольку он сумел обманом уклониться от сдачи крови, но спустя некоторое время, благодаря удачному стечению обстоятельств все же был изобличен, поскольку стало известно, что вместо него кровь сдал другой человек и когда взяли кровь на анализ уже у него, то сомнений в том, что именно этот человек совершил данные жуткие преступления не осталось. В одной из обзорных статей приведена даже фотография страницы январского номера за 1987 год газеты The Times, где изложены те события [Aronson, 2005]. На самом деле этот случай показывает, что подобные базы данных должны быть максимально

большими, а точнее содержащими информацию о всем населении, о чем будет говориться в другом разделе данной статьи. После этого громкого дела, описание которого было также опубликовано в виде научного труда в криминалистическом журнале [Gill, Werrett, 1987], английские суды в 1988 году стали принимать во внимание подобные генетические доказательства. В США решение о таком применении ДНК было принято только летом 1990 г. [U.S. Congress ..., 1990].

Как уже говорилось выше, для проведения подобных анализов в 1987 г. в Англии и США были созданы фирмы Cellmark Diagnostics и Lifecodes Corporation. Чуть позже в этих странах возникли Forensic Science Service и специализированная лаборатория при ФБР. В Европе в то время была также создана организация European DNA Profiling Group (EDNAP). При них стали формироваться криминалистические базы данных по VNTR-локусам, причем они были основаны на использовании разных рестрикционных эндонуклеаз, что сводило «на нет» возможность сравнения данных в этих базах. Более того, Европейская комиссия по правам человека, исходя из Европейской конвенции, в 1992 году потребовала подобные базы данных в Англии уничтожить [Gaudette, 2000]. Однако на местах продолжалось накопление информации о полиморфизме ДНК преступников и в одной из статей сообщается, что в Соединенном Королевстве к 1995 году в ряде лабораторий содержались ДНК-профили на основе VNTR-локусов в совокупности для более чем 5700 человек [Lambert et al., 1995].

В США в конце 1980-х гг. ряд штатов решили создавать подобные базы данных ДНК и когда последовали их примеру некоторые другие штаты, то ФБР разработала систему CODIS (Combined DNA Index System)³, позволяющую обмениваться данными и использовать таковые других штатов, что впервые было применено в суде в 1991 году в Миннесоте [Gaudette, 2000]. Ввиду значительных различий между людьми разных рас [Devlin, Risch, 1992] базы данных, состояли из трех подбаз данных, формирующихся по этническому признаку – для кавказоидов, африканцев и латиноамериканцев. Несколько позже в США такая база данных была подразделена уже на 5 подбаз – кавказоиды, африканцы, латиноамериканцы, восточные и американские индейцы [Budowle et al., 1994]. Проведенный анализ действующей с 1990 года в пилотном режиме системы CODIS [McEwen, 1995] показал, что по состоянию на октябрь 1993 года в нескольких штатах, задействованных в этой апробируемой системе собрано в общей сложности

141870 образцов ДНК преступников, проанализированных на основе VNTR-полиморфизма. А к моменту перехода системы CODIS⁴ на другой тип полиморфизма в виде STR-локусов в разных штатах США в совокупности по состоянию на июль 1998 года имелось более 230 тысяч записей VNTR-полиморфизма [Samuels, Asplen, 2000].

Формирование современных криминалистических баз данных ДНК

Недавно нами довольно кратко рассмотрены вопросы организации и функционирования криминалистических баз данных ДНК в ряде стран [Aminev et al., 2019], тогда как здесь, помимо Англии, США, Китая и России, приведены подобные сведения еще по ряду государств, включая такую международную структуру как Интерпол. Начальный этап развития европейского законодательства по формированию национальных баз данных ДНК связан с изданием Кабинетом министров ЕС Рекомендаций R (92) 1 «Об использовании анализа дезоксирибонуклеиновой кислоты (ДНК) в рамках системы уголовного правосудия» от 10 февраля 1992 года (Recommendation R (92) 1 of the Committee of Ministers to member states on the use of analysis of deoxyribonucleic acid (DNA) within the framework of the criminal justice system - https://search.coe.int/cm/Pages/result_details.aspx?ObjectID=09000016804e54f7). В разделе 8 данных Рекомендаций закреплены общие требования к сбору и хранению образцов и данных ДНК, включающие правила о необходимости уничтожения образцов ДНК или тканей организма, взятых у людей для анализа ДНК; удаления результатов анализа ДНК, когда больше нет необходимости в их хранении в целях, для которых они были использованы; а также допустимость сохранения образцов; результатов анализа ДНК лиц, которые не были обвинены или осуждены за соответствующие преступления, лишь в случаях прямо предусмотренных национальным законодательством, и только тогда, когда речь идет о безопасности государства. Названные рекомендации оказали существенное влияние на формирование законодательства, регламентирующего создание и функционирование национальных баз данных ДНК всех европейских государств.

В Англии для ДНК-идентификации личности переход на тип полиморфизма ДНК в виде STR-локусов произошел значительно раньше чем в США. Так, первой в мире государственной базой ДНК-данных стала Национальная база данных ДНК Англии и Уэльса (National DNA Database - NDAD). В 1994

³ Более подробно об организации CODIS будет говориться дальше.

⁴ CODIS сейчас прочно ассоциируется с STR-локусами, тогда как изначально эта система почти десятилетие использовала данные по VNTR-полиморфизму.

году британский парламент принял Закон об уголовном правосудии и общественном порядке, который стал правовой основой для NDNAD <https://www.legislation.gov.uk/ukpga/1994/33/contents>.

Этот закон позволил полиции брать образцы ДНК без согласия у любого лица, обвиняемого в совершении какого-либо правонарушения, которое классифицируется как «регистрируемое», а также осуществлять информационный поиск в базе данных соответствующих ДНК-профилей. Начавшая функционировать в апреле 1995 г. база данных NDNAD к декабрю того же года уже содержала 19000 ДНК-профилей и при проведении поиска по ней удалось выявить более 100 преступников, благодаря совпадению данных полиморфизма ДНК [Johnson et al., 2003].

Одним из первых коммерчески реализуемых наборов для ДНК-идентификации личности стал тогда мультиплексный набор первого поколения QUAD STR System на основе четырех STR-локусов – TH01, FES/FPS, VWA, F13A1 [Kimpton et al., 1994]. Ему на

смену пришел набор SGM (Second Generation Multiplex) из уже 6 полиморфных STR-локусов, имеющий заметно большую дискриминирующую способность [Kimpton et al., 1996; Werrett, 1997]. После чего увеличение числа маркерных STR-локусов в подобных наборах продолжилось (10 SGM, 10 SGM Plus и т.д.) и сейчас составляет для Европы в виде расширенного European Standard Set 15 STR-локусов. Дополнительным 16-ым STR-локусом является SE33. Из таблицы 2 можно видеть существенные отличия между производимыми разными фирмами первыми наборами по составу STR-локусов. До января 2017 г. только 7 STR-локусов из комплекта CODIS совпадали с европейскими ENFSI локусами (European Network of Forensic Science Institutes). После расширения CODIS до 20 локусов совпадать стало уже 12. Что касается Интерпола, то эта организация оперирует всеми основными европейскими и американскими STR-локусами, но имеет свой стандартный набор из 7 STR-локусов, опционально используя также амелогениновый локус.

Таблица 2

Различные STR-локусы и некоторые ранние коммерческие наборы для ДНК-идентификации личности разных фирм (CODIS – США; ENFSI – Европейский союз)

Локусы	Хромосома	CODIS 13	ENFSI 8	SGM	AmpF/STR Profiler plus	Powerplex 1.1	SGM Plus	CODIS 20	ENFSI 12	Interpol
Год выпуска				1996	1997	1997	1999			
Число локусов				7	10	8	11			
D1S1656	1									
D2S1338	2						*			
TPOX	2					*				
D2S441	2									
D3S1358	3				*		*			
FGA	4			*	*		*			
D5S818	5				*	*				
CSF1PO	5					*				
SE33	6					*				
D7S820	7				*	*				
D8S1179	8			*	*		*			
D10S1248	10									
TH01	11			*		*	*			
VWA	12			*	*	*	*			
D12S391	12									
D13S317	13				*	*				
D16S539	16					*	*			
D18S51	18			*	*		*			
D19S433	19						*			
D21S11	21			*	*		*			
D22S1045	22									
Amelogenin	X/Y			*	*		*			

В совсем ранние годы ДНК-криминалистики вообще был довольно сильный «разнобой» используемых маркерных признаков для ДНК-идентификации. Так, например, итальянским судом в апреле 1991 г. приняты доказательства, полученные с помощью ПЦР анализа ряда VNTR-локусов, микросателлитных маркеров и ПДРФ нескольких генов [Dallapiccola et al., 1991]. В середине 1990-х годов в Экспертно-криминалистическом центре МВД России на основе ПЦР для ДНК-идентификации личности использовался широкий спектр генетических маркеров – ген амелогенина, VNTR-локусы, HLA-DQA1-локусы, Polymarker, отдельные STR-локусы [Перепечина, 2002]. Хотя и в настоящее время в силу как национальных и расовых причин, так и исторически сложившихся традиций, нет полного единства при использовании комплектов STR-локусов. Так, например, в Германии используется самый высокополиморфный локус SE33, редко применяемый в других странах [Butler, 2012], поскольку его полиморфизм (для некоторых мультиплексных наборов) находится в диапазоне от 300 до 500 пар нуклеотидов, что превышает таковые у других STR-локусов.

В Великобритании в результате принятия законов в 2001 и 2003 годах, когда премьер-министром был Тони Блэр, ратовавший за расширение базы ДНК-данных, в законодательство Соединенного Королевства были внесены изменения, позволяющие полиции в Англии, Уэльсе и Северной Ирландии неопределенное время хранить образцы ДНК и отпечатки пальцев от любого лица, арестованного за «регистрируемое» преступление, даже если он был освобожден без предъявления обвинения или признан невиновным (Criminal Justice and Police Act 2001 - <https://www.theguardian.com/commentisfree/libertycentral/2009/jan/14/criminal-justice-police-act>), а также получать ДНК при задержании, а не только после предъявления обвинения (Criminal Justice Act 2003 - <https://www.legislation.gov.uk/ukpga/2003/44/contents>). Данные меры обеспечили существенное увеличение количества индивидуальных ДНК-профилей в базах данных в короткие сроки. Так, к 2006 году с момента принятия Закона об уголовном правосудии 2003 года национальная база данных ДНК расширилась примерно на треть - до 3,6 млн. профилей. Однако, подобное расширение этой криминалистической базы данных за счет профилей «невиновных» людей встретило серьезную критику со стороны правозащитных организаций и общественности. Противники сложившейся практики утверждали, что такое увеличение числа ДНК-профилей нецелесообразно, ведь поскольку невиновные люди обычно не совершают в будущем преступлений, расширение базы данных за счет включения в нее

ДНК невиновных людей не способно существенным образом помочь в раскрытии большего количества преступлений, чем до изменения закона - <https://core.ac.uk/download/pdf/82806983.pdf>. 4 декабря 2008 года Большая палата Европейского Суда по правам человека по делу С. и Марпер против Великобритании (известное как дело Марпера) вынесла единодушное решение о том, что бессрочное хранение профилей ДНК, отпечатков пальцев и биологических образцов невиновных людей нарушает статью 8 Европейской конвенции о правах человека (право на неприкосновенность частной жизни) - <https://rm.coe.int/168067d216>. В ответ на данное решение в 2012 году был принят Закон о защите свобод (Protection of Freedoms Act 2012 - <http://www.legislation.gov.uk/ukpga/2012/9/contents/enacted>), глава 1 которого закрепила специальные правила, касающиеся уничтожения, сохранения и использования образцов ДНК. В соответствии с новой схемой, предусмотренной в названном законе, отпечатки пальцев и профили ДНК, взятые у лиц, арестованных или обвиняемых в совершении мелкого правонарушения, подлежат уничтожению сразу после оправдательного приговора или решения об отказе в предъявлении обвинения. Для более серьезных правонарушений профили ДНК могли храниться до 3 лет. Сами биологические образцы, взятые у лиц (но не с мест преступления), уничтожаются в течение 6 месяцев после отбора. Тем самым, в 2012 году Великобритания изменила подход к формированию собственных национальных баз данных ДНК, акцентируя внимание на работе с истинно криминалистическими данными. Учитывая, что схожие процессы в вопросах формирования национальных баз данных ДНК происходили и во многих других странах Европы, опыт Великобритании можно условно считать «европейской моделью» построения системы ДНК учета.

Следом за Англией стали создаваться подобные криминалистические базы данных ДНК в Европе и других странах (таблица 3). Одними из первых в 1996 году такие базы данных были созданы в Новой Зеландии [Harbison et al., 2001] и в Северной Ирландии, а также в Шотландии. В 1997 году настал черед Голландии и Австрии; в 1998 году – Германии и Словении; в 1999 году – Финляндии и Норвегии; в 2000 году – Дании, Швейцарии, Швеции, Хорватии, Болгарии; в 2001 году – Франции и Чехии; в 2002 году – Бельгии, Эстонии, Литвы, Словакии; в 2003 году – Венгрии и Латвии [Martin, 2004]. В 2004 году подобная база данных ДНК стал функционировать в Таиланде [Boonderm et al., 2017]. В 2009 г. была создана криминалистическая база данных ДНК в Южно-Африканской Республике [Van der Walt, 2010]. Интерпол стал создавать свою базу данных ДНК с

2002 года и сейчас в ней содержится более 180 тысяч ДНК-профилей, внесенными 84 странами, входящими в Интерпол (<https://www.interpol.int/How-we-work/Forensics/DNA>).

Таблица 3

Первые криминалистические базы данных ДНК
на основе STR-локусов

Страна	Дата организации
Англия	апрель 1995
Северная Ирландия	1996
Шотландия	1996
Новая Зеландия	1996
Нидерланды	1997
Австрия	октябрь 1997
Германия	апрель 1998
Словения	1998
США	октябрь 1998
Канада	декабрь 1998
Финляндия	сентябрь 1999
Норвегия	1999
Дания	июль 2000
Швейцария	июль 2000
Швеция	2000
Хорватия	2000
Болгария	2000
Франция	2001
Чехия	2001
Бельгия	2002
Эстония	2002
Литва	2002
Словакия	2002
Венгрия	2003
Латвия	2003
Таиланд	2004

Необходимо заметить, что даже используемые различными странами схожие STR-локусы никак не влияют на условия функционирования баз данных в них, которые могут довольно сильно не совпадать в сроках хранения образцов от разных категорий граждан, заметно отличаться причинами включения ДНК-профилей в подобные базы данных, а также по некоторым другим параметрам, с чем можно кратко ознакомиться по ряду обзорных статей [Schneider, Martin et al., 2001; Marjanovic et al., 2011; Santos et al., 2013].

В США еще до того как официально перейти всей страной для целей ДНК-идентификации личности на STR-локусы для пополнения базы данных и использования такой информации в судах некоторыми фирмами велась разработка мультиплексных наборов, аналогичная той, что проводилась в Англии. Так, первым коммерческим

набором от фирмы Promega оказался комплект из трех STR-локусов CS1PO, TPOX, TH01, названный по их первым буквам как СТТ. Ввиду его крайне слабой дискриминирующей способности продолжалась разработка новых мультиплексов. В одной из работ для ДНК-идентификации личности было предложено использовать 13 STR-локусов, но для них не был создан единый мультиплексный набор и амплификация с ними велась группами [Hammond et al., 1994]. Как известно первый комплект STR-локусов для системы CODIS, подготовленный к ноябрю 1997 года, также состоял из 13 локусов, но это просто совпадение их числа, поскольку из упоминаемого выше набора в официальный комплект CODIS вошла лишь пара STR-локусов.

В США процесс становления и развития законодательства в области формирования национальной базы данных ДНК протекал несколько иным образом чем в Англии. В 1994 году Конгресс США принял Закон о борьбе с насильственными преступлениями и правоприменении (Violent Crime Control and Law Enforcement Act of 1994, H.R.3355 – 103rd Congress (1993-1994), <https://www.congress.gov/bill/103rd-congress/house-bill/3355>), который уполномочил Федеральное бюро расследований (ФБР) на формирование базы данных образцов ДНК. На основании данного закона ФБР создало систему индексов ДНК, которая позволила государственным и местным лабораториям судебной экспертизы обмениваться и сравнивать профили ДНК в электронном виде. Основой для функционирования национальной базы данных ДНК служит Закон об идентификации ДНК 1994 года (DNA Identification Act of 1994), закрепивший создание национального индекса (National DNA Index System - NDIS), состоящего из: 1) записей идентификации ДНК лиц, осужденных за преступления; 2) анализов образцов ДНК, полученных с мест преступления; 3) анализов образцов ДНК, полученных из неопознанных человеческих останков. Аналогичные базы данных были созданы также на местном уровне (Local DNA Index System - LDIS) и уровне штатов (State DNA Index System - SDIS) в соответствии с законами штатов. Все они объединены в единую систему, именуемую Объединенной системой индексов ДНК - Combined DNA Index System - CODIS. С июля 2004 г. CODIS действует в США во всех 50 штатах и федеральном округе Колумбия при том, что в октябре 1998 г., когда впервые был запущена эта система на основе 13 STR-локусов она использовалась в криминалистических целях только в 9 штатах и содержала уже в общей сложности около 119 тысяч ДНК-профилей, часть которых была получена из

ранее имевшихся образцов, анализированных до этого на основе DQA1/PM и VNTR-локусов [Butler, 2012].

В целом система CODIS первоначально была ориентирована на учет и анализ данных ДНК осужденных преступников. Так, Закон о ДНК (DNA Analysis Backlog Elimination Act of 2000 - DNA Analysis Backlog Elimination Act of 2000, H.R.4640 — 106th Congress (1999-2000) - <https://www.congress.gov/bill/106th-congress/house-bill/4640>), предусматривал сбор образцов ДНК лишь от лиц, находящихся под стражей в федеральных тюрьмах, осужденных за соответствующие федеральные преступления, и от лиц на испытательном сроке, условно-досрочно освобожденных и, находящихся под контролируемым освобождением. Однако в 2005 и 2006 годах Конгресс США расширил категории лиц, подлежащих ДНК учету. А в 2009 году вступили в силу федеральные правила (AG Order 3023-2008, 73 FR 74942, Dec. 10, 2008), согласно которым любое учреждение Соединенных Штатов, которое арестовывает или задерживает лиц, либо контролирует лиц, которым предъявлены обвинения, должно забирать у них образцы ДНК. Аналогичные правила были законодательно закреплены тогда в 28 штатах.

В 2013 году Верховный суд США подтвердил правомерность изъятия ДНК проб у лиц, задержанных, но еще не осужденных за совершение преступления. Он также признал допустимым сопоставление полученных данных с образцами ДНК по нераскрытым преступлениям в национальной базе данных - https://www.supremecourt.gov/opinions/12pdf/12-207_d18e.pdf. Данное решение дало мощный импульс к развитию технологий ДНК анализа, предопределив в США расширение национальной базы данных ДНК. Так, по состоянию на октябрь 2019 года NDIS содержит 14013946 профилей преступников, 13760209 профилей арестованных и 979841 судебно-медицинский профиль (<https://www.fbi.gov/services/laboratory/biometric-analysis/codis/ndis-statistics>). На данном сайте также приведена статистика отслеживания количеств уголовных расследований, в которых системой CODIS оказано содействие. Так, по состоянию на октябрь 2019 года к системе CODIS было произведено 488318 обращений и при этом оказана помощь в 477812 расследованиях. И это очень высокий показатель, свидетельствующий о нужности такой базы данных ДНК.

Следом за США система CODIS на основе 13 STR-локусов в декабре 1998 г. была принята в Канаде и организована соответствующая база данных ДНК Canadian National DNA Databank (NDDDB), но ее первое применение на практике состоялось в середине 2000 года [Milot et al., 2013]. При этом архитектура

NDDDB сильно напоминает трехуровневую систему CODIS в США.

Крупнейшая база данных ДНК в мире находится в Китае. Процесс создания национальной базы данных ДНК в Китае связан с принятием 3 февраля 1988 года Правил отбора проб ДНК - <http://www.rootlaw.com.tw/LawContent.aspx?LawID=A040040110001500-1010104>. Данный нормативный акт предусматривал основания обязательного отбора проб ДНК от лиц обвиняемых или подозреваемых в совершении сексуальных и насильственных преступлений, а также случаи добровольной регистрации в целях поиска и определения родственников. С этого же времени началась научная разработка системы национальной базы данных ДНК, которая была завершена в 2004 году и стала известной под названием - «Система применения публичных баз данных органов общественной безопасности» («Система ДНК») - <http://www.china.com.cn/chinese/2005/Aug/944806.htm>. В мае 2005 года Министерство общественной безопасности Китая выпустило «Рабочую книгу по созданию базы данных ДНК национальных органов общественной безопасности», в которой было предписано органам общественной безопасности на всех уровнях создать базу данных криминалистической ДНК, а также определить задачи, обязанности и требования к созданию базы данных ДНК - <http://fenke.gzsjw.org.cn/fenke/faxue/fxfzsy/175884-3.shtml>. В 2009 г. для проведения ДНК-идентификации личности в Китае был принят соответствующий стандарт GA/T 815-2009 Criterion for the human fluorescent STR multiplex PCR reagent <https://www.codeofchina.com/standard/GAT815-2009.html>.

Действующая в Китае «Система ДНК» представляет собой четырехуровневую структуру - министерства, провинции, города, районы и округа. Она состоит из трех основных подсистем: системы сравнения при поиске данных ДНК, интегрированной информационной системы управления и лабораторной системы управления информацией, а также обеспечивает постоянную связь с базовыми бизнес-системами общественной безопасности через стандартный интерфейс обслуживания данных - <http://www.hisign.com.cn/product/show-1551.aspx>.

Система ДНК синхронизирует около 400 локальных баз данных ДНК с базой данных ДНК Министерства общественной безопасности. Сама база данных ДНК разделена на 5 категорий - 1) библиотека ДНК преступников; 2) база данных ДНК вещественных доказательств на месте преступлений; 3) библиотека ДНК неопознанных тел; 4) база данных ДНК родственников пропавших без вести лиц; 5) база данных ДНК в части данных генотипов соответствующих популяций, основанная на

групповых, семейных опросах и результатах судебно-медицинской экспертизы, обеспечивающая необходимую статистическую основу для идентификации в регионах или провинциях.

Следует отметить, что благодаря серьезной исследовательской работе Китая удалось в кратчайшие сроки создать самую крупную в мире базу данных ДНК, включающую более 44 млн. ДНК-профилей - <http://www.hisign.com.cn/product/show-1551.aspx>. Вместе с тем, важной тенденцией формирования китайской системы базы данных ДНК является ее постоянное расширение за счет включения некриминальных ДНК профилей. Так, по данным правозащитной организации "Human Rights Watch" известно множество примеров, когда сбор ДНК в Китае осуществлялся не в связи с конкретными уголовными расследованиями, а по другим поводам. Причем, по мнению специалистов этой организации, причинами подобных явлений выступают непрозрачность административных и технических правил сбора данных ДНК (<https://www.hrw.org/zh-hans/news/2017/05/15/303724>), а также недостаточность законодательного регулирования в данной области - <http://fenke.gzxjw.org.cn/fenke/faxue/fxfzsy/175884-3.shtml>.

Формирование криминалистической базы данных ДНК в Российской Федерации

Прежде чем приступить к описанию формирования криминалистической базы данных ДНК в Российской Федерации необходимо остановиться на самых начальных этапах ДНК-идентификации личности у нас в стране. По праву ее основоположником считается член-корреспондент РАН А.П. Рысков, под руководством которого в СССР были начаты исследования по геномной дактилоскопии и обнаружено особое семейство универсальных гипервариабельных повторов ДНК в геномах человека, животных, растений и микроорганизмов. Во второй половине 1980-х гг. после пионерных работ А. Джеффриса в мире продолжились поиски новых вариабельных минисателлитных локусов. Почти одновременно независимо друг от друга две группы исследователей (одна в Бельгии, другая в СССР) обнаружили, что при использовании в качестве гибридационной пробы ДНК одноцепочечного бактериофага M13 образуются сложные гибридационные картины с ДНК разных организмов, включая человека, причем оказавшиеся специфичными для каждого индивида [Vassart et al., 1987; Рысков и др. (Ryskov et al.), 1988]. В этом бактериофаге удалось идентифицировать последовательности, ответственные за такую гибридацию, которые оказались тандемными повторами, локализованными в гене белка 3 с

коротким 15-нуклеотидным мотивом GAGGGTGGXGGXTCT. Данный гибридационный зонд на основе фага M13 некоторое время применялся в криминалистической практике [Иванов и др. (Ivanov et al.), 1989]. Тогда же Е.И. Рогаевым в геноме человека были обнаружены другие гипервариабельные локусы [Рогаев (Rogaev), 1988; Rogaev, 1989]. В декабре 1988 г. на базе Института молекулярной биологии АН СССР и Бюро Главной судебно-медицинской экспертизы Минздрава СССР была организована экспертная лаборатория молекулярно-генетической идентификации (ныне Отдел молекулярно-генетических экспертиз Российского центра судебно-медицинской экспертизы Минздрава России) и проведена первая в нашей стране ДНК-идентификация личности, позволившая изобличить убийцу-маньяка [Иванов (Ivanov), 2003].

В 1996 г. за разработку теоретических и прикладных проблем геномной дактилоскопии А.П. Рысков вместе с коллективом соавторов (Г.П. Георгиев, С.А. Лимборская, М.И. Просняк, П.Л. Иванов, Е.И. Рогаев, А.Г. Джинчарадзе) стали Лауреатами Государственной премии Российской Федерации [Хроника (Chronics), 2011].

В отечественной криминалистике методы ДНК-анализа получили название генотипоскопии и их использование началось в 1988 г., когда Государственным комитетом СССР по науке и технике было принято решение об организации лаборатории генотипоскопии на базе Всесоюзного научно-криминалистического центра МВД СССР (ныне Экспертно-криминалистический центр МВД России), а первая генотипоскопическая экспертиза этой структурой была проведена в 1990 году [Пименов и др. (Pimenov et al.), 2001]. Но в связи с отсутствием необходимого оборудования и помещений подобные работы проводились сначала во Всесоюзном центре психического здоровья АМН СССР.

В 1994 г. вышел Указ Президента Российской Федерации от 24.05.1994 г. № 1016 «О неотложных мерах по реализации Федеральной программы Российской Федерации по усилению борьбы с преступностью на 1994 – 1995 годы», в котором постановлялось утвердить «Федеральную программу Российской Федерации по усилению борьбы с преступностью на 1994 - 1995 годы», где говорилось о создании на базе имеющихся экспертных учреждений единой системы генно-дактилоскопических учетов, но из-за экономических трудностей работа в этом направлении была тогда приостановлена. На рубеже столетий на коллегии МВД России от 15.01.99 г. № 1км вновь прозвучал вопрос о необходимости создания соответствующей базы данных ДНК для поиска в ней лиц, являющихся возможным

источником происхождения изъятых биологических объектов при отсутствии сравнительных образцов, путем сопоставления генетических признаков исследуемого объекта и хранящейся в базе данных информации о ДНК подучетных лиц.

Фактически первая база данных ДНК в России была создана в 2006 году в рамках экспертно-криминалистического учета данных ДНК биологических объектов, утвержденного и регламентированного Приказом МВД от 10.02.2006 №70 «Об организации использования экспертно-криминалистических учетов органов внутренних дел Российской Федерации». Однако, закон, регламентирующий функционирование национальной базы данных ДНК, был принят несколько позже – лишь в 2008 году. Действующая в РФ Федеральная база данных геномной информации (далее - ФБДГИ) функционирует в соответствии с Федеральным законом от 03.12.2008 №242-ФЗ «О государственной геномной регистрации в Российской Федерации» (далее - Закон о геномной регистрации). Однако из-за отсутствия средств действие данного Закона было приостановлено до 1 января 2011 года другим Федеральным законом №313 от 17 декабря 2009 г. Согласно ст. 2 Закона о геномной регистрации в Российской Федерации государственная геномная регистрация проводится в целях идентификации личности человека, причем она названа в качестве единственной цели геномной регистрации. К примеру, в Законе США о ДНК идентификации (DNA Identification Act of 1994, sec. 4) целями использования данных ДНК названы: цели идентификации, осуществляемой правоохранительными органами; цели уголовной защиты подсудимого; цели исследования в области идентификации; цели контроля качества. Представленное в российском законе ограничение целей геномной регистрации лишь идентификацией, с одной стороны, сужает сферу применения закона. Так, в частности, отечественным законодательством не предусмотрена возможность внесения в ФБДГИ ДНК-профилей подозреваемых лиц, либо обвиняемых в совершении преступления до момента их осуждения. В этом смысле российская система в большей степени соответствует европейской модели. С другой стороны, легальное закрепление названной цели позволяет акцентироваться на работе не только с криминалистическими, но и с иными данными. Так, в отличие от стран, в которых национальные базы данных ДНК формировались исключительно за счет криминалистических профилей, в основу ФБДГИ положены данные как обязательной, так и добровольной геномной регистрации. Обязательная государственная геномная регистрация в России проводится в отношении лиц, осужденных и

отбывающих наказание в виде лишения свободы за совершение тяжких или особо тяжких преступлений, а также всех категорий преступлений против половой неприкосновенности и половой свободы личности; неустановленных лиц, биологический материал которых изъят в ходе производства следственных действий; неопознанных трупов. Также отечественное законодательство предусматривает добровольную государственную геномную регистрацию в отношении граждан Российской Федерации, иностранных граждан и лиц без гражданства, проживающих или временно пребывающих на территории Российской Федерации, проводимую на основании их письменного заявления и на возмездной основе.

Необходимо заметить, что в готовившемся по поручению Правительства Российской Федерации №ВМ-П4-01431 от 06.02.2003 г. первоначальном проекте Федерального закона «О государственной геномной регистрации в Российской Федерации» перечень лиц, подлежащих такой регистрации, был заметно шире [Пименов (Pimenov), 2004]. Так, предполагалось, что обязательной государственной геномной регистрации (с некоторыми вариациями по категориям) должны подлежать:

- граждане Российской Федерации, проходящие военную службу;
- граждане Российской Федерации, проходящие правоохранительную службу;
- граждане Российской Федерации, проходящие федеральную государственную гражданскую службу:
 - в органах внутренних дел Российской Федерации,
 - в органах федеральной службы безопасности,
 - в налоговых органах Российской Федерации,
 - в органах внешней разведки Российской Федерации,
 - в органах по делам гражданской обороны, чрезвычайным ситуациям и ликвидации последствий стихийных бедствий,
 - в органах и подразделениях службы судебных приставов,
 - в учреждениях и органах уголовно-исполнительной системы Министерства юстиции Российской Федерации,
 - в таможенных органах Российской Федерации,
 - в федеральных органах государственной охраны,
 - в федеральном органе специальной связи и информации,
 - в органах по контролю за оборотом наркотических средств и психотропных веществ;
- спасатели профессиональных аварийно-спасательных служб и профессиональных аварийно-спасательных формирований Российской Федерации;
- члены экипажей воздушных судов государственной, гражданской и экспериментальной авиации Российской Федерации;

- граждане Российской Федерации, иностранные граждане и лица без гражданства, неспособные по состоянию здоровья или возрасту сообщить данные о своей личности, если установить указанные данные иным способом невозможно;
- граждане Российской Федерации, иностранные граждане и лица без гражданства, осужденные за совершение преступлений, перечень которых определяется Правительством Российской Федерации;
- иностранные граждане и лица без гражданства, прибывшие в Российскую Федерацию в поисках убежища и подавшие ходатайства о предоставлении политического или иного убежища, либо о признании их беженцами на территории Российской Федерации;
- биологические следы с мест нераскрытых преступлений;
- неопознанные трупы.

Как можно видеть из данного перечня, он охватывал довольно широкий круг подучетных лиц, и соответствовал большинству профессий, связанных с определенным риском для жизни для работающих в этих сферах. Фактически суммарно число людей, подлежащих обязательной геномной регистрации по тому проекту Закона, могло составить свыше 10% всего наиболее активного населения, находящегося в трудоспособном возрасте. И это был бы заметный шаг для всеобъемлющей ДНК-регистрации, о которой будет говориться ниже. Однако в Законопроекте № 63580-5, направленном в Государственную Думу Правительством Российской Федерации 24.05.2008 г. (<https://sozd.duma.gov.ru/bill/63580-5>) был уже сильно сокращенный перечень таких лиц и согласно статьи 7 обязательная государственная геномная регистрация распространялась на: лиц, осужденных и отбывающих наказание в виде лишения свободы за совершение тяжких или особо тяжких преступлений; неустановленных лиц, биологический материал которых изъят с мест происшествий; неопознанных трупов.

Цифровизация баз данных ДНК на основе VNTR- и STR-локусов

Первые годы ДНК-идентификации личности на основе VNTR-локусов для получения визуальной информации проводилась блот-гибридизация по Саузерну, результаты которой проявлялись в виде радиоавтографов на рентгеновской пленке (рис. 2) и представляли собой, по сути, аналоговые данные. Для компьютерного хранения эти радиоавтографы сканировались и оцифровывались, занимая весьма большой объем памяти, зависящий от установленного разрешения при сканировании, которое в свою очередь вызывалось необходимостью фиксации

бледных полос ДНК. Однако предлагались и другие подходы. Так, в одной из работ сообщалось, что компьютеризированная база данных при Forensic Science Service предполагает, что при создании ДНК-фingerprintов результаты блот-гибридизации разбиваются на 600 возможных позиций (ячеек), исходя из электрофоретической подвижности фрагментов ДНК, что позволяло на 40 Мб диске размещать до 30 тысяч ДНК-профилей [Gill, Werrett, 1990]. Фактически эти 600 ячеек заполнялись компьютерными «0» или «1» в зависимости от отсутствия или присутствия в конкретных ячейках фрагментов ДНК, что в той статье было отображено в виде подобия штрих-кода. Однако главная проблема была в нечетком делении полос ДНК из-за неизбежных различий в проведении геле-электрофореза, да и «толщины» самих полос ДНК, а также ввиду относительно крупного размера «окошка» сканера в 0,3 мм. Тем более этот принцип был предложен для мультилокусных проб, быстро замененных в подобных базах данных на комплект однолокусных, в том числе не требующих использования рестрикционных эндонуклеаз и позволяющих вести амплификацию с помощью ПЦР [Gill et al., 1991], но все те же проблемы точного определения длин килобазного размера фрагментов ДНК остались. При этом для улучшения международного использования базами данных были выработаны определенные рекомендации по номенклатуре однолокусных VNTR-проб [Bar et al., 1992].

При переходе для ДНК-идентификации личности на другой тип полиморфизма в виде STR-локусов необходимость в радиоавтографировании быстро отпала, поскольку детекция полос ДНК в пластинах геля проводилась или с помощью их окрашивания серебром, или с использованием флуоресцентных меток [Kimpton et al., 1993]. Замена гелей в виде пластин на капиллярные гели еще более упростила регистрацию результатов, поскольку автоматические секвенаторы сразу выдавали нужную информацию в виде размеров фрагментов ДНК [Buel et al., 1998]. Оставалось только из общих размеров фрагментов ДНК вычест фланкирующие участки и оставшийся размер разделить на число нуклеотидов корового повтора, чтобы понять сколько таких повторов находится в том или ином фрагменте ДНК (полосе, пике), после чего такая «очищенная» информация о каждом STR-локусе помещалась в базу данных. Так, было до применения полногеномного секвенирования ДНК новых поколений, которое в ДНК-криминалистике принято называть массивным параллельным секвенированием [Divne et al., 2010]. И вот такое массивное параллельное секвенирование вскрыло присутствие в STR-локусах иных типов

полиморфизма ДНК. На самом деле, совершенно опрометчиво было думать, что STR-локусы могут меняться только за счет числа коровых повторов, не допуская образования возможных однонуклеотидных замен, инделов (инсерций/делеций) внутри них, а также во фланкирующих областях. Таким образом, новая технология, обеспечив серьезный прогресс, одновременно породила множество проблем в виде избыточного полиморфизма STR-локусов, который и так был чрезмерен, но сейчас стал практически бесконечным. С одной стороны, чем полиморфизм выше, тем больше достоверных различий можно выявить между разными биологическими объектами, включая человека. Но с другой стороны, для формирования баз данных и оперирования ими излишний полиморфизм вреден, поскольку они становятся нечетко организованными и плохо структурированными.

Прежде чем продемонстрировать как избыточный полиморфизм STR-локусов отрицательно влияет на их применимость для ДНК-криминалистики в виде создания баз данных следует уделить некоторое внимание вопросам структурной организации самих микросателлитных повторов. Причем все многообразие STR-локусов находит применение в ДНК-криминалистике.

Считается, что STR-локусы могут быть четырех основных типов [Urquhart et al., 1994]:

- 1) простые повторы, содержащие множественные элементы одинаковой длины и идентичной последовательности (консенсусные), например - FES/FPS – [ATTT]₈₋₁₄;
- 2) простые повторы, содержащие множественные элементы с отличающимися как длинами, так и последовательностями (неконсенсусные), например - TH01 – [AATG]_n[ATG]₁[AATG]_n, всего от 5 до 11 повторов;
- 3) компаундные повторы, состоящие из двух или более типов простых повторов, например - VWFA31 – [TCTA]₂[TCTG]₃₋₄[TCTA]₉₋₁₃;
- 4) комплексные повторы, включающие, помимо компаундных повторов, прерывающие их переменные последовательности, например - D21S11 – [TCTA]₄₋₆[TCTG]₅₋₆[TCTA]₃TA[TCTA]₃TCA[TCTA]₂TCCATA[TCTA]₈₋₁₆.

Однако, на самом деле, первого типа STR-локусов в виде простых повторов, содержащих элементы одинаковой длины и идентичной последовательности, скорее всего, не существует, поскольку такие повторяющиеся участки сильно «не любят» ДНК-полимеразу, делающая при прохождении этих мест из-за так называемого «проскальзывания цепей ДНК» ошибки при репликации, и поэтому, наряду с повторами одинаковой длины и с одинаковыми последовательностями, в таких локусах

с высокой вероятностью (или даже с неизбежностью) будут иметься и отличающиеся варианты. И уже есть немало примеров, когда впервые обнаруженные «простые консенсусные повторы при дальнейшем изучении превращались в неконсенсусные. Поэтому правильнее считать, что STR-локусы могут быть: 1) простыми (под которыми следует понимать как консенсусные, так и неконсенсусные повторы, но при условии, что их делеционные варианты представляют собой производные именно корового мотива); 2) компаундные; 3) комплексные.

Впрочем, о том, что некоторые STR-локусы могут нести отдельные коровые последовательности, отличающиеся от основного типа, было известно давно, что можно продемонстрировать на примере поступавшей информации об используемом для ДНК-идентификации личности локусе HUMTH01. Впервые он был обнаружен в 1991 г. в первом интроне гена тирозингидроксилазы человека [Polymeropoulos et al., 1991]. Тогда его коровый мотив был определен как неизменный и представленный следующей четверкой нуклеотидов - TCAT. В следующей статье, описывающей, в том числе данный TH01-локус, было показано, что для него характерны повторы числом от 5 до 12 с мотивом [AATG]_n [Edwards et al., 1992]. Позже другими авторами было установлено, что этот локус содержит также и неконсенсусный укороченный мотив и структурная организация данного локуса была представлена как [AATG]₆[-ATG]₁[AATG]₃ [Puers et al., 1993]. Согласно действующей тогда номенклатуре этот вариант был записан как 10-1, но сейчас его правильное обозначение – 9.3. То есть было установлено, что в нем встречается не 10 полноценных повторов, как посчитали в предыдущей работе [Edwards et al., 1992], а 11, но с одним дополнительным дефектным мотивом из трех нуклеотидов. Как можно видеть, коровый мотив AATG несколько поменялся от первоначально установленного TCAT, но это обманчиво. Фактически тетра-нуклеотидные мотивы могут иметь для обеих цепей ДНК 8 вариантов записи последовательностей со сдвигами рамок, что продемонстрировано в одной из работ для всех типов ди-, три-, тетра- и пентануклеотидных повторов [Jin et al., 1994]. В частности TH01 локус несет мотивы, которые для обеих цепей ДНК могут быть представлены как – AATG, ATGA, TGAA, GAAT, CAAT, TCA, TTCA, ATTC. Однако, как правило, с учетом фланкирующих последовательностей можно установить более точный вариант предкового мотива. В частности, для TH01-локуса другие авторы сочли, что наиболее правильным мотивом является ATGA [Gill et al., 1997] или TGAA [Gettings et al., 2015], хотя во всех современных публикациях пишут AATG. Для данного локуса TH01 характерны аллели с 5 – 11 повторами и

при анализе 1280 индивидов оказалось, что наиболее часто встречающимся вариантом является несущий семь тетра nukлеотидных повторов [Puers et al., 1993]. Необходимо заметить, что варианты с 5-ю и 11-ю повторами обнаруживались крайне редко. Первый был выявлен только у кавказоидов, а второй – только у азиатов с частотами приблизительно в полпроцента для обеих групп. Что касается данного «дефектного» STR-локуса, обозначенного как 10-1 (9.3), то он встречается заметно чаще, чем его вариант с 10 полноценными повторами, который относительно часто обнаруживается только у азиатов. Однако с учетом того, что скорость мутаций в микросателлитных последовательностях весьма высока, то нет никаких препятствий к тому, чтобы у каких-нибудь очередных индивидов (неважно какой национальности) не обнаружатся HUMTH01-локусы с 4-я или 12-ю повторами (а также с другим их числом, ранее не выявленным), либо с делециями отдельных нуклеотидов в иных местах. Собственно это уже произошло, когда для ДНК-криминалистики оказалось задействовано массивное параллельное секвенирование [Phillips et al., 2018]. Можно сказать, что избыточный полиморфизм STR-локусов просто «убивает» их ДНК-цифровизацию, которая крайне важна для формирования передовых баз данных.

Помимо 21 STR-локуса (D1S1656, D2S1338, TPOX, D2S441, D3S1358, FGA, D5S818, CSF1PO, SE33, D7S820, D8S1179, D10S1248, TH01, VWA, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D21S11, D22S1045), наиболее часто применяемых в ДНК-криминалистике и упомянутых в таблице 2 имеется еще около трех десятков STR-локусов, входящих в те или иные наборы, используемые в ДНК-криминалистике, что можно видеть из обзора и рекомендаций ENFSI DNA Working Group «DNA DATABASE MANAGEMENT REVIEW AND RECOMMENDATIONS» от апреля 2017 год (<http://enfsi.eu/wp-content/uploads/2017/09/DNA-databasemanagement-review-and-recommendations-april-2017.pdf>). И это только аутосомные локусы, кроме которых есть еще полтора десятка STR-локусов, происходящих из Y-хромосомы. На основе всех этих STR-локусов для ДНК-идентификации личности выпускается большое число различных наборов, производимых целым рядом фирм, представленных на рис. 3, часть которых имеют штаб-квартиры в США, но есть и китайская (AGCU ScienTech Incorporation) и российская (Gordiz) фирмы. Огромное разнообразие STR-локусов и наборов на их основе для ДНК-идентификации личности с учетом их неодинаковости для разных стран является дополнительным свидетельством, что необходимо переходить на новый тип полиморфизма ДНК, более удобный для цифровизации данных.

Фирмы-производители	Наборы	SGM Plus
		Profler
		Profler Plus (ID)
		Cofiler
		SE-Filter (Plus)
		Blue-Kit
		Identifiler (Direct) (Plus)
		Minitiler
		NGM
		NGM Select/Detect (Express)
		Sinofiler
		Globalfiler (Express)
		Verifiler
		Powerplex 1.1 or 1.2
		Powerplex 2.1
		Powerplex 16
		Powerplex ES
		Powerplex ESX 16 (Fast)
		Powerplex ESX 17 (Fast)
		Powerplex ESI 16 (Fast)
		Powerplex ESI 17 (Fast)
		Powerplex 18D
		Powerplex CS7
		Powerplex S5
		Powerplex 21
		Powerplex Fusion
		Powerplex Fusion 6C
		Investigator ESSplex Plus Kit
		Investigator ESSplex SE Plus/GO/QS
		Investigator Decaplex SE Kit
		Investigator Idplex Plus (GO)
		Investigator Nonaplex ESS Kit
		Investigator Hexaplex ESS Kit
		Investigator TriplexDSF Kit
		Investigator Triplex AFS QS Kit
		Investigator HDplex Kit
		Investigator 24plex
		COVDIS-9
		COVDIS-11
		COVDIS Plus
		Goldeneye DNA ID 20A
		Goldeneye DNA ID 22NC
		Peoplespot
		17 + 1
		21 + 1
		EX 16
		EX 20
		EX 22
		Expressmarker 16+10Y
		Expressmarker 16+18Y
		Mentype Monaplex I or QS
		Mentype Pentaplex ESS
		MPX II or MPX II-LF
		Serac
		SureID Compass
		Health Gene Technologies
		Locally prepared kit Austria
		Locally prepared kit Belgium
		AGCU Scien Tech
		Biotype
		Gordiz
		Qiagen
		Promega
		Thermo Fischer

Рис. 3 Фрагмент таблицы из «DNA Database management review and recommendations» (<http://enfsi.eu/wp-content/uploads/2017/09/DNA-databasemanagement-review-and-recommendations-april-2017.pdf>)

Таким образом, из рис. 3 можно видеть, что существует огромное разнообразие как самих STR-локусов, так и наборов, которые включают различные комплекты STR-локусов, внося тем самым дополнительные разночтения при организации баз данных ДНК по ним.

Универсальные (всеобъемлющие) базы данных ДНК

Под универсальными базами данных ДНК в ряде стран понимаются такие, в которых содержались бы сведения о ДНК всего населения и даже приезжих. Так, в уже упоминавшемся обзоре и рекомендациях от апреля 2017 года «DNA DATABASE MANAGEMENT REVIEW AND RECOMMENDATIONS» раздел 3.14 Universal DNA database как раз посвящен этому вопросу. В нем говорится, что политики время от времени инициируют дискуссии на эту тему, выдвигая в качестве причин улучшение раскрываемости преступлений и идентификации останков. При этом отмечается, что в Европе это вряд ли произойдет, поскольку будет нарушена статья 8 Европейской конвенции о правах человека из-за чего ранее в Соединенном Королевстве более 1,7 млн. ДНК-профилей были удалены из Национальной базы данных ДНК после вынесенного соответствующего вердикта Европейского суда по правам человека так как правозащитники определили, что их неограниченное хранение противоречит этой статье.

Тем не менее, исключать, по крайней мере, для других стран создание и поддержание универсальных баз ДНК-данных нельзя. Как известно, самой лучшей профилактикой любых правонарушений является неотвратимость наказания и поэтому всеобъемлющие базы данных ДНК будут носить как оперативно-розыскной, так и превентивный характер. Наличие криминалистических баз данных ДНК заметно способствует раскрываемости преступлений с какими-либо оставленными биологическими следами, из которых можно выделить ДНК. В этой связи, теоретически, чем полнее будет подобная база данных, тем проще станет выявлять преступников, но считается, что такая закономерность будет наблюдаться до определенного предела, соответствующему числу потенциально криминогенных элементов. Но только как определить этот предел?! Однако жертвами различных преступлений могут стать прочие законопослушные граждане, относящиеся к остальной части общества. Если еще принять во внимание производимые теракты, случающиеся техногенные аварии и происходящие природные катастрофы, в которых гибнут люди и при этом они не могут быть опознанными без применения анализа ДНК, то только

ДНК-регистрация всего населения и наличие всеобъемлющей (универсальной) базы данных ДНК может содействовать быстрому поиску как преступников, так и опознанию их жертв, жертв аварий и катастроф. В настоящее время для опознания погибших (которые не могут быть определены визуально или по другим признакам) либо их останков, включая фрагменты тел, требуется привлечение ДНК родственников, после чего проводится подчас непростое сопоставление результатов таких анализов для точного установления личности погибших. При наличии универсальной базы данных ДНК этот процесс (хотя человека не воскресишь) будет заметно упрощен и ускорен и в этом заключается определенный социальный аспект. Другой социально важной сферой приложения данных ДНК-регистрации всего населения может стать поиск потерявшихся и потерявших память лиц, неспособных себя идентифицировать. Таким образом, ДНК-регистрация всего населения позволяет решать многие проблемы разного характера.

Неудивительно, что предложения создавать базы данных ДНК всех людей (сейчас в виде определенных STR-локусов) в некоторых странах периодически звучат. Так, в США еще в 2003 г. была опубликована большая статья, в которой рассматривались все «за» и «против» подобной базы данных, причем авторы склонялись к ее необходимости [Kaye, Smith, 2003]. 3 февраля 2003 года первооткрыватель двойной спирали ДНК Дж. Уотсон в преддверии 50-ти летнего юбилея этого события дал интервью (<https://www.independent.co.uk/news/science/take-everyones-dna-fingerprint-says-pioneer-117771.html>) английской газете The Independent, обращающей особое внимание на проблематику прав человека, в котором высказал свою точку зрения на необходимость создания международной базы данных, где будут содержаться сведения о всем населении, чтобы было легче противостоять террористическим угрозам и сделать жизнь безопаснее, отметив, что кое-кто считает, что это является нарушением гражданских прав. Дж. Уотсон заметил, что у людей наблюдается иррациональный страх перед ДНК, но при этом необходимо использовать нейтральные участки ДНК, не содержащие какой бы то ни было медицинской информации. «Трудно представить, что через 100 лет у нас этого [подобной базы данных] не будет» добавил он.

Весной 2010 г. в New York Times (<https://reason.com/2010/03/17/fight-crime-with-a-universal-d/>) был опубликован материал, в котором также обсуждались преимущества борьбы с преступностью при наличии универсальной базы ДНК-данных. Через некоторое время в США вновь в положительном контексте (то есть в поддержку

организации таких баз данных) вернулись к этому вопросу [Dedrickson, 2017]. В другой статье в известном журнале Science американские авторы прямо в заголовке задаются вопросом – а не пришла ли пора создания универсальных криминалистических баз данных, имея в виду базы данных по STR-локусам всего населения США [Hazel et al., 2018]. Их статья вызвала некоторую дискуссию и канадские специалисты выдвинули целый ряд аргументов против создания универсальных баз ДНК-данных, среди которых, кроме нарушения прав личности, было возражение, что такая база данных потребует много денег [Joly et al., 2019]. В этой связи можно вспомнить одну довольно большую статью другого американского специалиста, произведшего весьма скрупулезные подсчеты, показавшие, что вложенные средства в ДНК-криминалистику и в первую очередь в базы данных экономят гораздо больше средств (в соотношении 1 доллар к 35 долларам), которые затрачиваются на расследование и раскрытие преступлений [Wickenheiser, 2004]. В своем ответе канадским авторам Hazel и соавт. [Hazel et al., 2019] отметили, что они разделяют некоторые их опасения, но остаются при своем мнении, что польза от универсальных баз данных перевесит все их недостатки.

Наглядным примером тенденции к расширению баз данных ДНК в США является вынесение в феврале 2019 года сенатором штата Аризона республиканцем D.Livingston законопроекта No 1475, предусматривающего создание ДНК профилей лиц, не имеющих прямого отношения к сфере уголовного правосудия. В частности, законопроект предусматривает обязательный сбор ДНК от лиц, которые по закону обязаны предоставить отпечатки пальцев в рамках заявления о выдаче лицензии, сертификатов или какого-либо специального разрешения; лиц, чья работа или должность требует снятия отпечатков пальцев; лиц, которые добровольно работают в правоохранительных органах; умерших лиц; лиц, которым по решению суда необходимо предоставить ДНК для проверки семейных отношений и др. - <https://www.informationliberation.com/?id=59831>. И хотя под давлением общественности первоначальный проект был изменен, в его последнем варианте все же сохранилась значительная доля некриминальных ДНК профилей.

На десятилетие раньше в 2007 г. в Англии известный судья Lord Sedley призвал к созданию базы данных ДНК всего населения - <http://news.bbc.co.uk/2/hi/uk/6979138.stm>. Причем, опрос населения, проведенный в том же 2007 г., четко показал, что две трети опрошенных согласны с тем, что бы все взрослое население Англии, Уэльса и Северной Ирландии было включено в базу данных ДНК - <http://news.bbc.co.uk/2/hi/programmes/panorama/701068>

7.stm [Graham, 2007]. Сходного мнения придерживался тогдашний премьер-министр Т.Блэр - <https://www.telegraph.co.uk/news/uknews/1532210/DNA-database-should-include-all.html>. Впрочем, Шотландия высказала несколько иную точку зрения.

Еще одной страной, где уже неоднократно поднимались вопросы создания универсальных всеобъемлющих баз данных ДНК, является Австралия. Так, еще в 2002 году в солидном журнале Nature был опубликован краткий комментарий, в котором авторы [Williamson, Duncan, 2002] довольно подробно обсуждают преимущества сбора информации о ДНК всего населения исключительно в криминалистических целях и касаются также страхов, которые при этом у людей возникают. Фактически ими предлагалось формировать такую базу данных ДНК, беря на анализ ДНК у новорожденных, считая это наиболее справедливым в том плане, что еще неясно кто станет преступником, а кто нет. Таким образом, по мнению авторов, все оказываются как бы равны и нет дискриминации. Недавно в Австралии в том же положительном ключе вернулись к этому вопросу [Smith, 2018], где значительное внимание автор уделит балансу пользы и затраченных средств.

Однако намного дальше всех других стран в этом вопросе продвинулся Кувейт, который после серьезного теракта принял в 2015 г. закон о всеобщей ДНК-регистрации не только своего 3,3 миллионного населения, но и всех приезжающих в их страну граждан других государств. За уклонение предусматривались очень серьезные наказания в виде серьезных штрафов и уголовного преследования. Процесс создания таких баз данных должен был начаться в 2016 г., но главным образом из-за таких суровых санкций к уклонистам, причем даже к подданным других государств, в мире поднялась волна возмущения, которая заставила правительство Кувейта отменить данный закон, а так бы Кувейт мог стать первой страной, располагающей базой ДНК-данных всего населения, включая приезжих, «не перегины они тогда палку». До этого в Объединенных Арабских Эмиратах также строились планы создать подобную универсальную базу ДНК-данных. Причем в ОАЭ создали мегабазу биометрических данных (<https://3rm.info/main/30087-v-oae-sozdali-mega-bazu-biometricheskih-dannyh.html>), содержащую более 100 миллионов записей: отпечатков пальцев, ладоней, оцифрованных фотографий лиц и личных подписей пятнадцати миллионов человек. Подобной по объему информации базы данных нет нигде в мире.

Вопрос о создании базы данных, в которой бы содержалась информация о ДНК всего населения, включая приезжих, неоднократно поднимался и в России. Одним из первых, кто заговорил о необходимости геномной регистрации в масштабах

всей России, был глава Следственного комитета при прокуратуре РФ А.И.Бастрыкин, выступивший с этим предложением на расширенной коллегии Генпрокуратуры летом 2010 года. После этого в интервью Российской газете 20 августа 2010 г. он пояснил свою точку зрения (<https://rg.ru/2010/08/20/daktiloskopiya.html>). Однако тогда из-за финансовых сложностей геномная регистрация даже ограниченного контингента была отложена на некоторое время. Но еще раньше в учебном пособии по ДНК-криминалистике упоминается генетическая регистрация всего населения, когда констатируется, что ни в одной из ведущих стран мира подобного решения пока не принято, поскольку это сопряжено как с огромными финансовыми затратами, так и с определенными противоречиями их законодательствам [Пименов и др., 2001]. Тем не менее, обсуждения продолжали идти, и в ряде недавних статей рассматриваются положительные и отрицательные стороны всеобъемлющей геномной регистрации в Российской Федерации [Романовская, Романовский (Romanovskaya, Romanovsky), 2013; Панова, Соколов (Panova, Sokolov), 2014; Варданян (Vardanyan), 2019; Грибунев (Gribunov), 2019; Майорова (Maiorova), 2019 и др.]. Особый интерес вызывает работа Степаненко и соавторов, в которой приводятся результаты опроса респондентов, согласно которому 57% опрошенных готовы добровольно сдать свой генетический материал для хранения в базе в ФБДГИ при условии, что это будет для них бесплатно и только 12% готовы заплатить за эту процедуру⁵ [Степаненко и др. (Stepanenko et al.), 2019]. В одной из статей предлагалось внести дополнение в ФЗ «О государственной геномной регистрации в Российской Федерации», в котором была бы заложена норма обязательного забора крови у новорожденных детей с целью пожизненного хранения информации об их ДНК в ФБДГИ [Лукомская (Lukomskaya), 2012]. Причем автор отмечает, что кровь у новорожденных и сейчас забирается, но только для проведения анализов на наличие тяжелых врожденных заболеваний. Единственное, что следует еще на наш взгляд добавить, что информация о ДНК должна храниться и после смерти человека, которому она принадлежала, неограниченно долго. Некоторое время назад поднимался вопрос об обязательной геномной регистрации для иностранных граждан, как

необходимое условие для осуществления ими трудовой деятельности на территории РФ (<https://www.oprf.ru/press/anno/newsitem/34490>).

Причем во избежание дополнительных расходов из федерального бюджета предлагалось возложить траты или на работодателей, принимающих соответствующих граждан на работу, либо непосредственно на них самих.

Надо напомнить, что в действующем российском паспорте имеется незаполненная строка «личного кода», что прямо свидетельствует о намерении нашего государства вести разнообразный учет своих граждан. Причем наличие данной строки в паспорте ни у кого не вызвало сколько-нибудь заметного возмущения. Появление в биометрических паспортах будущей информации о ДНК человека можно до некоторой степени сравнить с его фотографией в обычном паспорте, которая также не дает полного представления о нем как личности (или биологической особи), но при этом пригодна для первичного опознания и идентификации ее владельца. К тому же надо будет сделать так, что информация об особенностях ДНК будет «видна» только электронным приборам, которые нельзя купить в обычном или в интернет-магазине. Опасения, что с помощью ДНК будут следить за каждым человеком можно считать несерьезными, поскольку гораздо проще использовать видеокамеры с распознаванием лиц, что уже делается, в том числе, для криминалистики или смартфоны (которые вообще можно считать «кладзем» информации об их владельце), дающие много разнообразных сведений о человеке, включая его интересы, склонности, даже болезни и пристрастия, если проследить за запросами в поисковиках.

Видимо через какое-то время (и наверное раньше чем через 100 лет, о которых в своем интервью упоминал Дж. Уотсон - <https://www.independent.co.uk/news/science/take-everyones-dna-fingerprint-says-pioneer-117771.html>) мир неизбежно решится на создание всеобъемлющих универсальных баз данных ДНК всего населения и здесь можно привести одно высказывание, сделанное в недавно изданной в России книге «ДНК и ее человек. Краткая история ДНК-идентификации» [Клещенко (Kleshchenko), 2019, с. 247], где прямо говорится, что «...надо признать, что включение того или иного объема ДНК-данных в биометрию паспортов всего мира – скорее всего, лишь вопрос времени. Слишком уж удобен этот метод идентификации». И мы с этим абсолютно согласны.

Однако нынешние базы данных формируются на основе STR-локусов, которые мало подходят для ДНК-регистрации всего населения в силу целого ряда причин, главная из которых крайне низкий уровень

⁵ Согласно №242-ФЗ «О государственной геномной регистрации в Российской Федерации» в настоящее время добровольная государственная геномная регистрация проводится на платной основе, причем стоимость довольно значительна, варьируя от региона к региону в пределах 4 – 10 тысяч рублей.

цифровизации данных, о чем уже говорилось выше. Поэтому необходимо вести работу по разработке новых маркерных признаков для однозначной ДНК-идентификации личности / ДНК-регистрации всего населения и создания универсальных всеобъемлющих баз данных ДНК. И на роль таких маркеров почти идеально подходят снипы, которым необходимо уделить здесь отдельное внимание, включая вопросы цифровизации данных по ним.

Однонуклеотидный полиморфизм и его ДНК-цифровизация

Как можно видеть из таблицы 1 впервые снипы для целей ДНК-идентификации личности (без учета DQA1-локусов) были применены еще в 1993 г. [Syvänen et al., 1993]. Спустя несколько лет была выполнена работа, отчетливо продемонстрировавшая, что снипы для ДНК-криминалистики имеют целый ряд преимуществ перед STR-локусами [Delahunty et al., 1996]. Так, с помощью экстраполяции было показано, что при исследовании 76 индивидов по 21 биаллельному снипу при условии равной представленности каждой аллели в соотношении (50:50) совпадение результатов у двух человек можно ожидать для выборки численностью в миллиард человек. При превалировании одной аллели над другой в соотношении 90:10 для исключения совпадений для такого же числа индивидов потребовалось бы брать в анализ уже 56 снипов. Необходимо заметить, что эта статья [Delahunty et al., 1996] осталась почти незамеченной и ее процитировали по данным Scopus за все время всего 39 раз (последний в 2018 г., а предпоследний – в 2013 г.), несмотря на то, что авторы привели сразу несколько причин, по которым снипы имеют множество преимуществ перед STR-локусами. Так, было отмечено, что снипы представляют собой наиболее распространенный тип геномного полиморфизма; что амплификация снипов с помощью ПЦР не дает так много артефактов как в случае с STR-локусами; что методы детекции снипов гораздо легче поддаются автоматизации; что результаты анализа снипов легче оцифровываются («easily interpreted by a computer»). И самый главный вывод, который сделали авторы той намного опередившей свое время статьи – снипы представляют собой высокоинформативную систему для ДНК-идентификации в судебных целях. Для сравнения можно привести цитирование одной из первых статей по STR-локусам, описывающей их применение для ДНК-криминалистики. Так, работа A. Edwards и соавт. [Edwards et al., 1991] процитирована, согласно той же базе данных Scopus за тот же период 897 раз! К сожалению, сопоставление дискриминирующих возможностей полиморфизма снипов и набравших в те годы

популярность STR-локусов оказалось в пользу последних ввиду их мультиаллельности, тогда как снипы считались в те времена почти исключительно биаллельными, и это казалось серьезной помехой при анализе смешанных биологических образцов, в которых могла находиться ДНК более чем одного человека. К тому же было показано, что для того, чтобы достичь вероятности случайного совпадения, обеспечиваемой 13 STR-локусами из комплекта CODIS, необходимо брать в анализ от 30 до 60 снипов [Chakraborty et al. 1999]. Схожие результаты по соотношению количества снипов и STR-локусов были сообщены позже и в другой работе [Gill, 2001]. И в то время из-за методологического уровня тех лет и тогдашней дороговизны детекции однонуклеотидного полиморфизма ДНК это казалось чрезмерно большим количеством, притом, что сейчас проводятся криминалистические исследования, в которых используются панели из 472 [Mo et al., 2018] и даже 964 снипов [Hwa et al., 2018]. Берется в анализ и гораздо большее число снипов, но ввиду высокой (пока) стоимости таких экспериментов не для криминалистических целей.

Другими преимуществами снипов является то, что для их детекции некоторыми методами достаточно наличия фрагментов ДНК длиной всего около 40-50 пар нуклеотидов, что позволяет работать с сильно поврежденной ДНК. Также важно то, что снипы мутируют с заметно меньшей скоростью, чем STR-локусы. Но самое главное – снипы позволяют создавать конечные базы данных с фиксированным числом ячеек, что для STR-локусов принципиально невозможно из-за их непредсказуемой вариабельности. Благодаря такой четко структурированной базе данных информация по одному человеку на основе панели снипов может занимать в ней не более одного килобайта компьютерной памяти. В отличие от STR-локусов с избыточным уровнем полиморфизма ДНК для аутосомных снипов в популяции с учетом их потенциальной тетрааллельности и двуродительской природы не может быть более двух разных нуклеотидов у одного человека из четырех возможных азотистых оснований и не может быть более десяти комбинаций для двух аллелей: 4 гомозиготных – A|A, C|C, G|G, T|T и 6 гетерозиготных – A|C, A|G, A|T, C|G, C|T, G|T. При этом необходимо заметить, что такое число комбинаций двух нуклеотидов (10, а не 16) вызвано равнозначностью комбинаций типа (A|C) и (C|A) и им аналогичных, поскольку как такового порядка полиморфных нуклеотидов друг относительно друга для снипов не существует и, соответственно, определяться он не может. Выявляемым в конкретных снипах полиморфным нуклеотидам будут присваиваться компьютерные «1», а отсутствующим нуклеотидам – «0». Так, например,

аллельные варианты AA (Acgt) и CG (aCGt), где прописные буквы отображают «выявленные» в этих снипах нуклеотиды, будут кодироваться соответственно как 1000 и 0110. И аналогично для остальных 8 комбинаций двух аллелей [Гарафутдинов и др. (Garafutdinov et al.), 2015; 2019].

Таким образом, однонуклеотидный полиморфизм обеспечивает высочайший уровень цифровизации данных, поскольку никогда ни у кого в его ДНК не выявится пятый нуклеотид (считая цитозин и метилцитозин одним нуклеотидом) и не изменится число аллельных комбинаций двух полиморфных нуклеотидов в популяциях. Для однозначной ДНК-идентификации личности количество требующихся снипов должно соответствовать принципу разумной достаточности, но при этом их в геномах людей так много, что можно выбрать столько, что случайное совпадение может быть одно на многие дециллионы или даже на гугол (10^{100}). Безусловно, для снипов характерны этнические и расовые особенности, приводящие к тому, что какие-то снипы для одной группы населения будут весьма вариативны, тогда как для другой народности эти же снипы будут почти безвариантны, притом, что какие-нибудь иные снипы из используемой панели дадут противоположный расклад для этих или других групп людей. Поэтому можно быть абсолютно уверенными в том, что общее (огромное) число аллельных комбинаций большого числа мультиаллельных снипов для всех этносов с легкостью «перевесит» неизбежные этнические особенности.

Исходя из всего вышесказанного, можно считать, что снипы способны стать новым поколением маркерных признаков для однозначной ДНК-идентификации личности и с учетом снижения стоимости таких анализов даже для ДНК-регистрации всего населения, ведь одной из причин против создания универсальных баз ДНК-данных являются слишком высокие затраты на их организацию. Возникающая проблема анализа смешанных образцов ДНК с помощью мультиаллельных снипов также поддается разрешению⁶, к тому же для этого есть и иные методические подходы в виде работы с единичными отсортированными клетками и они уже применяются.

Заключение

ДНК-идентификации личности, начавшись три с лишним десятилетия назад, претерпела серьезное развитие и модернизацию, но созданные базы данных ДНК пока далеки от совершенства и

крайне малы, чтобы обеспечить как ускоренную раскрываемость преступлений, так и быть пригодными для решения различных социальных задач. Для этого они должны быть всеобъемлющими или как их еще называют в ряде стран – универсальными. В этой связи необходимо признать, что существует ряд препятствий к ДНК-регистрации всего населения. В первую очередь к ним относится некое нарушение прав граждан на неприкосновенность личной жизни и возникающий доступ к информации в виде их персональных данных, который может оказаться неограниченным (неконтролируемым), тем более что ДНК несет о каждом человеке очень много информации, которая пока, впрочем, может быть понята разве что только на доли процента. В частности, существуют опасения, что станет известно об имеющихся у человека болезнях или только предрасположенности к таковым, что может повлечь за собой возможную дискриминацию при приеме на работу или в каких иных случаях. Однако благодаря использованию для ДНК-регистрации населения снипов, несущих исключительно так называемые синонимичные замены, не приводящие к изменению конкретного белка или фермента, подобные опасения становятся лишенными всяких оснований, поскольку они представляют собой абсолютно нейтральные мутации.

Возвращаясь к вопросу о персональных данных надо заметить, что касательно ДНК они должны, по всей видимости, быть пересмотрены. И так считаем не только мы. В одной из недавних работ говорится, что геномной информации о человеке должен быть придан особый правовой статус, поскольку в ДНК каждого человека также имеется некоторая информация о его предках и потомках и в этой связи надо спрашивать разрешение на доступ к такой казалось бы личной информации и у них [Владимиров и др. (Vladimirov et al.), 2018]. В последние годы стал производиться фенотипический анализ на основе ДНК, при котором исследуются определенные локусы, отвечающие за пигментацию кожи, цвет радужной оболочки глаз и пр. И насколько правомерно считать их применительно к конкретным локусам ДНК персональными данными, поскольку они видны каждому – большой вопрос.

Когда-нибудь ДНК-регистрация всего населения станет реальностью и в этом можно не сомневаться, поскольку уже невозможно отказаться от анализов ДНК при расследовании преступлений, но при этом благодаря прогрессу науки производительность выявления полиморфизма снипов вырастет настолько, что уже не будет служить сдерживающим фактором к широкомасштабному применению. К тому же мир за последние десятилетия изменился настолько сильно, что жить прежними

⁶ Нами готовится специальная статья по этому вопросу.

реалиями уже нельзя и противиться очевидным и насущным велениям времени долго не получится. Тем более что ДНК-регистрация всего населения, несомненно, повысит безопасность общества в целом и каждого человека в составе этого общества, что должно быть выше всяких предубеждений. Ввиду того, что самой лучшей профилактикой преступлений служит неотвратимость наказания за них, то создание универсальной всеобъемлющей базы ДНК-данных будет способствовать тому, что некоторые люди поостерегутся что-либо совершать противозаконное, где могут остаться их биологические следы. Таким образом, можно надеяться, что, по крайней мере, части преступлений можно будет избежать.

Но по нашему глубокому убеждению создание универсальных баз данных ДНК многомиллиардного населения Планеты может быть осуществлено только на основе однонуклеотидного полиморфизма ДНК и в первую очередь благодаря удобной цифровизации данных по снипам и хранению информации в истинно цифровом виде в минимальном объеме компьютерной памяти, обеспечивающей к тому же быстрый поиск 100%-ных совпадений или с устанавливаемыми параметрами отличий для поиска близких и дальних родственников, что является важнейшей задачей любых баз данных и базы ДНК-данных не исключение. К тому же однозначная ДНК-идентификация личности и ДНК-регистрация всего населения представляют собой задачи не просто государственной, а надгосударственной важности, учитывая незнакомые границ международный

терроризм, трансграничную организованную преступность, военные конфликты. При этом использование STR-локусов для ДНК-идентификации личности должно/может/будет продолжаться еще довольно длительное время как это было при переходе от VNTR-локусов к массовому применению STR-полиморфизма, занявшим несколько лет. Даже удивительно, но на протяжении четырех лет во второй половине 1990-х годов в Англии и в США активно использовались для ДНК-идентификации личности разные типы полиморфизма ДНК! Так, Англия в 1995 г. перешла на более передовые (на тот момент) и удобные STR-локусы, а в США еще долго продолжали использовать устаревший подход с VNTR-локусами. В одной из статей, описывающих открытие федеральной базы данных NDIS при ФБР, автор признает, что существовавшая в США уже 7 лет старая база данных ДНК при раскрытии преступлений оказывала заметную помощь правоохранительным органам, но при этом в Англии уже несколько лет действует продвинутая версия подобной базы данных [Hoyle, 1998]. Это означает, что и сейчас нет никаких препятствий к тому, чтобы в отдельно взятом государстве, например в России началось применение иного подхода к ДНК-идентификации личности нового поколения на основе однонуклеотидного полиморфизма, позволяющего к тому же осуществить ДНК-регистрацию всего населения страны с максимальным уровнем ДНК-цифровизации.

Данная работа выполнена при финансовой поддержке РФФИ в рамках выполнения научного проекта по гранту РФФИ-мк № 18-29-14076.

Литература

1. Варданян А.В. Интеграция методов ДНК-анализа в криминалистику в контексте современных тенденций эволюции научного знания // *Фундаментальные и прикладные исследования в сфере судебно-экспертной деятельности и ДНК-регистрации населения Российской Федерации: материалы Всероссийской научно-практической конференции с международным участием, Уфа, 17-18 октября 2019 года.* С. 52-57.
2. Владимиров В.Ю., Горбулинская И.Н., Кубитович С.Н. К вопросу о безопасности геномной информации // *Биосфера.* 2018. Т. 10. № 1. С. 42-47.
3. Гарафутдинов Р.Р., Сахабутдинова А.Р., Васильев Р.Г., Чемерис А.В. Генетическое штрих-кодирование родственных индивидов. *Вестник биотехнологии и физико-химической биологии им. Ю.А. Овчинникова.* 2015. Т. 11(2). С. 20-26.)
4. Гарафутдинов Р.Р., Сахабутдинов А.Р., Чубуков О.В., Чемерис А.В. Новая система ДНК-идентификации человека на основе генетических идентификационных номеров // *Фундаментальные и прикладные исследования в сфере судебно-экспертной деятельности и ДНК-регистрации населения Российской Федерации: материалы Всероссийской научно-практической конференции с международным участием, Уфа, 17-18 октября 2019 года.* С. 73-74.
5. Гарафутдинов Р.Р., Чемерис А.В. «Российский след» в ранних исследованиях нуклеиновых кислот // *Биомика.* 2019. Т.11(3). С. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2019-25
6. Геращенко Г.А., Гарафутдинов Р.Р., Баймиев Ан.Х., Кулуев Б.Р., Баймиев Ал.Х., Чемерис А.В. Два величайших открытия двух столетий - нуклеин и двойная спираль ДНК // *Биомика.* 2019. Т.11(3). С. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2019-24
7. Грибунов О.П. Обязательная государственная геномная регистрация как элемент криминалистического предупреждения преступлений // *Фундаментальные и прикладные исследования в сфере судебно-экспертной деятельности и ДНК-регистрации населения*

- Российской Федерации: материалы Всероссийской научно-практической конференции с международным участием, Уфа, 17-18 октября 2019 года. С. 81-83.
8. Иванов П.Л., Гуртовая С.В., Плаксин В.О., Вербовая Л.В., Рысков А.П. Геномная «дактилоскопия» с использованием бактериофага M13 в качестве гибридизационной пробы (экспертиза вещественного доказательства и персональная идентификация) // *Судебн. Мед. Экспертиза*. 1989. Т. 32(4). С. 39-42.
9. Иванов П.Л. Индивидуализация человека и идентификация личности: молекулярная биология в судебной экспертизе // *Вестник Российской академии наук*. 2003. Т. 73. №12. С. 1085-1097.
10. Клещенко Е. ДНК и ее человек. Краткая история ДНК-идентификации / Елена Клещенко. научн. ред. д-р биол. наук С. Боринская. М.: Альпина нон-фикшн, 2019. 314 с.
11. Лукомская А.С. К вопросу о государственной геномной регистрации // *Вестник Оренбургского государственного университета*. 2012. Т. 139. №3. С. 92-94.
12. Майорова Е.И. Плюсы и минусы всеобщей геномной регистрации // *Фундаментальные и прикладные исследования в сфере судебно-экспертной деятельности и ДНК-регистрации населения Российской Федерации: материалы Всероссийской научно-практической конференции с международным участием, Уфа, 17-18 октября 2019 года*. С. 183-189.
13. Панова А.А., Соколов А.Ф. Всеобщая геномная регистрация: pro et contra // *Энциклопедия судебной экспертизы*. 2014. №1(3). http://www.proexpertizu.ru/general_questions/616/
14. Перепечина И.О. Разработка проблемы судебно-медицинской генетической идентификации // *Черные дыры в Российском законодательстве*. 2002. №4. С. 208-258.
15. Пименов М.Г. Теоретические и методические основы судебно-генетической экспертизы тканей и выделений человека. Канд. диссерт. М.: 2004. 214 С.
16. Пименов М.Г., Культин А.Ю., Кондрашов С.А. Научные и практические аспекты криминалистического ДНК-анализа. М.: ГУ ЭКЦ МВД России. 2001. 144 С.
17. Рогаев Е.И. Структура геномного участка, содержащего нестабильные элементы ДНК // *Доклады АН СССР*. 1988. Т. 302. С. 324-328.
18. Романовская О.В., Романовский Г.Б. Правовое регулирование геномной регистрации в Российской Федерации // *Российская юстиция*. 2013. № 8. С. 43-46.
19. Рысков А. П., Джинчарадзе А. Г., Просняк М. И., Иванов П.Л., Лимборская С.А. Геномная «дактилоскопия» организмов различных таксономических групп: использование в качестве гибридизационной пробы ДНК фага M13 // *Генетика*. 1988. Т. 24. С. 227-239.
20. Степаненко Д.А., Митрофанова А.А., Кузаков Д.В. Государственная геномная регистрация в Российской Федерации: этический аспект // *Фундаментальные и прикладные исследования в сфере судебно-экспертной деятельности и ДНК-регистрации населения Российской Федерации: материалы Всероссийской научно-практической конференции с международным участием, Уфа, 17-18 октября 2019 года*. С.237-243.
21. Хроника. Рысков Алексей Петрович // *Генетика*. 2011. Т.47(2). С. 284-285.
22. Чемерис Д.А., Сагитов А.М., Аминев Ф.Г., Луценко В.И., Гарафутдинов Р.Р., Сахабудинова 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.bmc.2018-16
23. Aminev F.G., Anisimov V.A., Lutsenko V.I., Sagitov A.M., Khusnutdinova E.K., Chemeris A.V. Peculiarities of the Legislative Regulation in Establishing and Functioning of National DNA Database Systems (Case Study of Great Britain, the USA, China and Russia) // *Журнал Сибирского федерального университета. Серия: Гуманитарные науки*. 2019. Т. 12(11). С.1990-2000. DOI: 10.17516/1997-1370-0505
24. Aronson J.D. DNA fingerprinting on trial: the dramatic early history of a new forensic technique // *Endeavour*. 2005. V. 29. P. 126-131. DOI: 10.1016/j.endeavour.2005.04.006
25. Avery O.T., MacLeod C.M., McCarty M. Studies of the chemical nature of the substance inducing transformation of pneumococcal types. Induction of transformation by a desoxyribonucleic acid fraction isolated from *Pneumococcus* Type III. *J. Exp. Med.* 1944. V.79(2). P.137-158. DOI: 10.1084/jem.79.2.137
26. Boonderm N., Suriyanratakorn D., Wongvoravivat C., Sangpueng S., Nettakul A., Waiyawuth W.. Effectiveness of CIFS DNA database in Thailand // *Forensic Science International: Genetics Supplement Series*. 2017. V. 6. e585-e586. doi:10.1016/j.fsigss.2017.09.220
27. Budowle B., Monson K.L., Giusti A.M., Brown B.L. The assessment of frequency estimates of Hae III-generated VNTR profiles in various reference databases // *J. Forensic Sci.* 1994. V.39(2). P.319-352.

28. Budowle B., Lindsey J.A., DeCou J.A., Koons B.W., Giusti A.M., Comey C.T. Validation and population studies of the loci LDLR, GYPA, HBGG, D7S8, and Gc (PM loci), and HLA-DQ alpha using a multiplex amplification and typing procedure // *J. Forensic Sci.* 1995. V.40(1). P.45-54.
29. Buel E., Schwartz M.B., LaFountain M.J. Capillary electrophoresis STR analysis: comparison to gel-based systems // *J Forensic Sci.* 1998. V.43(1). P.164-170.
30. Bugawan T.L., Saiki R.K., Levenson L.H., Watson R.M., Erlich H.A. The use of non-radioactive oligonucleotide probes to analyze enzymatically amplified DNA for prenatal diagnosis and forensic HLA typing // *BioTechnology.* 1988. V. 6.P. 943-947. doi:10.1038/nbt0888-943
31. Butler J.M. DNA databases: uses and issues // *Advanced Topics in Forensic DNA Typing: Methodology.* 2012. V. P.213-270. DOI: 10.1016/B978-0-12-374513-2.00008-7
32. Butler J.M., Levin B.C. Forensic applications of mitochondrial DNA // *Trends Biotechnol.* 1998. V.16(4). P.158-162. DOI: 10.1016/s0167-7799(98)01173-1
33. Byrne J., Dahm R. Friedrich Miescher and the 150th anniversary of the discovery of DNA // *Biomics.* 2019. V.11(3). P. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2019-
34. Castella V., Gervais J., Hall D. DIP-STR: highly sensitive markers for the analysis of unbalanced genomic mixtures // *Hum Mutat.* 2013. V.34(4). P.644-654. doi: 10.1002/humu.22280
35. Chakraborty R., Stivers D.N., Su B., Zhong Y., Budowle B. The utility of short tandem repeat loci beyond human identification: implications for development of new DNA typing systems. // *Electrophoresis.* 1999. V.20. P.1682-1696. DOI: 10.1002/(SICI)1522-2683(19990101)20:8<1682::AID-ELPS1682>3.0.CO;2-Z
36. Dallapiccola B., Novelli G., Spinella A. PCR DNA typing for forensics. *Nature.* 1991. V.354. P. 179. doi:10.1038/354179a0
37. Dedrickson K. Universal DNA databases: a way to improve privacy? // *Journal of Law and the Biosciences.* 2017. V. 4(3). P. 637-647. <https://doi.org/10.1093/jlb/lxx041>
38. Delahunty C., Ankener W., Deng Q., Eng J., Nickerson D.A. Testing the feasibility of DNA typing for human identification by PCR and an oligonucleotide ligation assay // *Am J Hum Genet.* 1996. V.58(6). P.1239-1246.
39. Devlin B., Risch N. Ethnic differentiation at VNTR loci, with special reference to forensic applications // *Am. J. Hum. Genet.* 1992. V. 51. P. 534-548.
40. Divne A.M., Edlund H., Allen M. Forensic analysis of autosomal STR markers using Pyrosequencing // *Forensic Sci. Int. Genet.* 2010. V.4(2). P.122-129. doi: 10.1016/j.fsigen.2009.07.004
41. DNA recommendations - 1992 report concerning recommendations of the DNA Commission of the International Society for Forensic Haemogenetics relating to the use of PCR-based polymorphisms // *Int. J. Legal Med.* 1992. V. 105. P. 63-64. DOI: 10.1007/bf01371243
42. Duewer D.L., Currie L.A., Reeder D.J., Leigh S.D., Liu H.K., Mudd J.L. Interlaboratory comparison of autoradiographic DNA profiling measurements. 2. Measurement uncertainty and its propagation // *Anal. Chem.* 1995. V.67(7). P.1220-1231. DOI: 10.1021/ac00103a013
43. Duewer D.L., Currie L.A., Reeder D.J., Leigh S.D., Filliben J.J., Liu H.K., Mudd J.L. Interlaboratory comparison of autoradiographic DNA profiling measurements. 4. Protocol effects // *Anal. Chem.* 1997. V.69(10). P.1882-1892. DOI:10.1021/ac961070k
44. Edwards A., Civitello A., Hammond H.A., Caskey C.T. DNA typing and genetic mapping with trimeric and tetrameric tandem repeats // *Am J Hum Genet.* 1991. V.49(4). P.746-756.
45. Edwards A., Hammond H.A., Jin L., Caskey C.T., Chakraborty R. Genetic variation at five trimeric and tetrameric tandem repeat loci in four human population groups // *Genomics.* 1992 Feb;12(2):241-53. DOI: 10.1016/0888-7543(92)90371-x
46. Fierer N., Lauber C.L., Zhou N., McDonald D., Costello E.K., Knight R. Forensic identification using skin bacterial communities // *Proc Natl Acad Sci USA.* 2010. V.107(14). P.6477-6481. doi: 10.1073/pnas.1000162107
47. Frégeau C.J., Fourney R.M. DNA typing with fluorescently tagged short tandem repeats: a sensitive and accurate approach to human identification // *Biotechniques.* 1993. V.15(1). P.100-119.
48. Gaudette B.D. Databanks. *Encyclopedia of Forensic Sciences* / Editor-in-Chief: Siegel J.A. Academic Press. 2000. P. 486-490. DOI: 10.1006/rwfs.2000.0474
49. Ge J., Budowle B., Planz J.V., Chakraborty R. Haplotype block: a new type of forensic DNA markers // *Int J Legal Med.* 2010. V.124(5). P.353-361. doi: 10.1007/s00414-009-0400-5
50. Gettings K.B., Aponte R.A., Vallone P.M., Butler J.M. STR allele sequence variation: Current knowledge and future issues // *Forensic Sci Int Genet.* 2015. V.18. P.118-130. doi: 10.1016/j.fsigen.2015.06.005

51. Gill P. An assessment of the utility of single nucleotide polymorphisms (SNPs) for forensic purposes // *Int. J. Legal Med.* 2001. V.114(4-5). P.204-210. DOI: 10.1007/s004149900117
52. 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
53. Gill P., Sparkes R., Kimpton C. Development of guidelines to designate alleles using an STR multiplex system // *Forensic Sci Int.* 1997. V.89(3). P.185-97. DOI: 10.1016/s0379-0738(97)00131-x
54. Gill P., Werrett D.J. Exclusion of a man charged with murder by DNA fingerprinting // *Forensic Sci Int.* 1987. V.35(2-3). P.145-148. doi: 10.1016/0379-0738(87)90050-8
55. Gill P., Werrett D.J. Interpretation of DNA profiles using a computerised database // *Electrophoresis*. 1990. V.11(5). P.444-448. DOI: 10.1002/elps.1150110516
56. Gill P., Evett I.W., Woodroffe S., Lygo J.E., Millican E., Webster M. Databases, quality control and interpretation of DNA profiling in the Home office Forensic Science Service // *Electrophoresis*. 1991. V. 12(2-3). P. 204-209. doi: 10.1002/elps.1150120217
57. Graham E.A. DNA reviews: the national DNA database of the United Kingdom // *Forensic Sci. Med. Pathol.* 2007. V. 3. P. 285-288. doi: 10.1007/s12024-007-9014-8.
58. Grimes E.A., Noake P.J., Dixon L., Urquhart A. Sequence polymorphism in the human melanocortin 1 receptor gene as an indicator of the red hair phenotype // *Forensic Sci. Int.* 2001. V.122(2-3). P.124-129. doi: 10.1016/S0379-0738(01)00480-7
59. Gršković B., Zrnc D., Vicković S., Popović M., Mršić G. DNA methylation: the future of crime scene investigation? // *Mol Biol Rep.* 2013. V.40(7). P.4349-4360. doi: 10.1007/s11033-013-2525-3
60. Hammond H.A., Jin L., Zhong Y., Caskey C.T., Chakraborty R. Evaluation of 13 short tandem repeat loci for use in personal identification applications // *Am J Hum Genet.* 1994. V. 55(1). P. 175-189.
61. Harbison S.A., Hamilton J.F., Walsh S.J. The New Zealand DNA databank: its development and significance as a crime solving tool // *Sci Justice.* 2001. V. 41(1). P. 33-37. doi: 10.1016/S1355-0306(01)71846-1
62. Hazel J.W., Clayton E.W., Malin B.A., Slobogin C. Is it time for a universal genetic forensic database? // *Science.* 2018. V.362(6417). P.898-900. doi: 10.1126/science.aav5475
63. Hazel J.W., Clayton E.W., Malin B.A., Slobogin C. Risks of compulsory genetic databases-Response // *Science.* 2019. V.363(6430). P.940. doi: 10.1126/science.aaw8839
64. Herrin G., Fildes N., Reynolds R. Evaluation of the AmpliType® PM DNA Test System on Forensic Case Samples // *Journal of Forensic Sciences.* 1994. V. 39(5). P. 1247-1253. doi: 10.1520/JFS13710J
65. Horn G.T., Richards B., Klinger K.W. Amplification of a highly polymorphic VNTR segment by the polymerase chain reaction // *Nucleic Acids Res.* 1989. V.17. P.2140. doi: 10.1093/nar/17.5.2140
66. Hoyle R. The FBI's national DNA database // *Nature Biotechnology.* 1998. V. 16. P. 987 doi: 10.1038/3402
67. Hwa H.L., Chung W.C., Chen P.L., Lin C.P., Li H.Y., Yin H.I., Lee J.C. A 1204-single nucleotide polymorphism and insertion-deletion polymorphism panel for massively parallel sequencing analysis of DNA mixtures // *Forensic Sci. Int. Genet.* 2018. V.32. P.94-101. doi: 10.1016/j.fsigen.2017.11.002
68. Jeffreys A.J., MacLeod A., Tamaki K., Neil D.L., Monckton D.G. Minisatellite repeat coding as a digital approach to DNA typing // *Nature.* 1991. V.354(6350). P.204-209. DOI: 10.1038/354204a0
69. Jeffreys A.J., Wilson V., Thein S.L. Individual-specific 'fingerprints' of human DNA // *Nature.* 1985. V.316(6023). P.76-79. DOI: 10.1038/316076a0
70. Jeffreys A.J., Wilson V., Neumann R., Keyte J. Amplification of human minisatellites by the polymerase chain reaction: towards DNA fingerprinting of single cells // *Nucleic Acids Res.* 1988. V.16(23). P.10953-10971.
71. Jin L., Zhong Y., Chakraborty R. The exact numbers of possible microsatellite motifs // *Am. J. Hum. Genet.* 1994. V.55(3). P.582-583.
72. Jobling M.A. Y-chromosomal SNP haplotype diversity in forensic analysis // *Forensic Sci Int.* 2001. V.118(2-3). P.158-162. doi: 10.1016/S0379-0738(01)00385-1
73. Johnson P., Williams R., Martin P. Genetics and Forensics: Making the National DNA Database // *Sci. Stud.* 2003. V. 16. P. 22-37.
74. Joly Y., Marrocco G., Dupras C. Risks of compulsory genetic databases // *Science.* 2019. V.363(6430). P.938-940. doi: 10.1126/science.aaw4347
75. Kaye D.H., Smith M.E. DNA identification databases: legality, legitimacy, and the case for population-wide coverage // *Wisconsin Law Review.* 2003. P.413-459.
76. Kimpton C.P., Gill P., Walton A., Urquhart A., Millican E.S., Adams M. Automated DNA profiling employing multiplex amplification of short tandem repeat loci // *PCR Methods Appl.* 1993. V.3(1). P.13-22. DOI: 10.1101/gr.3.1.13
77. Kimpton C., Fisher D., Watson S., Adams M., Urquhart A., Lygo J., Gill P. Evaluation of an

- automated DNA profiling system employing multiplex amplification of four tetrameric STR loci // *Int J Legal Med.* 1994. V.106(6). P.302-311. DOI: 10.1007/bf01224776
78. Kimpton CP, Oldroyd NJ, Watson SK, Frazier RR, Johnson PE, Millican ES, Urquhart A, Sparkes BL, Gill P. Validation of highly discriminating multiplex short tandem repeat amplification systems for individual identification // *Electrophoresis.* 1996. V.17(8). P.1283-1293. DOI: 10.1002/elps.1150170802
 79. Lambert J.A., Scranage J.K., Evett I.W. Large scale database experiments to assess the significance of matching DNA profiles // *Int. J. Legal Med.* 1995. V.108. P. 8-13.
 80. Lee J.C.I., Chang J.G. ABO genotyping by polymerase chain reaction // *Journal of Forensic Science.* 1992. V. 37(5). P. 1269-1275.
 81. Litt M., Luty JA. A hypervariable microsatellite revealed by in vitro amplification of a dinucleotide repeat within the cardiac muscle actin gene // *Am J Hum Genet.* 1989. V.44(3). P.397-401.
 82. Liu Z., Liu J, Wang J., Chen D., Liu Z., Shi J., Li Z., Li W., Zhang G., Du B. A set of 14 DIP-SNP markers to detect unbalanced DNA mixtures // *Biochem Biophys Res Commun.* 2018. V.497(2). P.591-596. doi: 10.1016/j.bbrc.2018.02.109
 83. Marjanović D., Konjhodžić R., Butorac S.S., Drobnic K., Merkas S., Lauc G., Primorac D., Andjelinović S., Milosavljević M., Karan Z., Vidović S., Stojković O., Panić B., Vucetić Dragović A., Kovacević S., Jakovski Z., Asplen C, Primorac D. Forensic DNA databases in Western Balkan region: retrospectives, perspectives, and initiatives // *Croat Med J.* 2011. V. 52(3). P. 235 - 244. doi: 10.3325/cmj.2011.52.235
 84. Martin P.D. National DNA database-practice and practicability. A forum for discussion // *International Congress Series.* 2004. V. 1261. P. 1 – 8. doi:10.1016/S0531-5131(03)01844-2
 85. Martin P.D., Schmitter H., Schneider P.M. A brief history of the formation of DNA databases in forensic science within Europe // *Forensic Sci Int.* 2001. V. 119(2). P. 225-231. doi: 10.1016/s0379-0738(00)00436-9
 86. McEwen J.E. Forensic DNA data banking by state crime laboratories // *Am. J. Hum. Genet.* 1995. V. 56. 1487-1492.
 87. Miescher F. Ueber die chemische Zusammensetzung der Eiterzellen // *Medicinisch-chemische Untersuchungen.* 1871. V.4. P. 441–460.
 88. Milot E., Lecomte M.M., Germain H., Crispino F. The National DNA Data Bank of Canada: a Quebecer perspective // *Front. Genet.* 2013. V. 20. P. 249. doi: 10.3389/fgene.2013.00249.
 89. Mo S.K., Ren Z.L., Yang Y.R., Liu Y.C., Zhang J.J., Wu H.J., Li Z., Bo X.C., Wang S.Q., Yan J.W., Ni M. A 472-SNP panel for pairwise kinship testing of second-degree relatives // *Forensic Sci. Int. Genet.* 2018. V.34. P.178-185. doi: 10.1016/j.fsigen.2018.02.019
 90. Mountain JL, Knight A, Jobin M, Gignoux C, Miller A, Lin AA, Underhill PA. SNPSTRs: empirically derived, rapidly typed, autosomal haplotypes for inference of population history and mutational processes // *Genome Research.* 2002. V. 12(11). P. 1766-1772. DOI: 10.1101/gr.238602
 91. Mudd J.L., Baechtel F.S., Duewer D.L., Cume L.A, Reeder D.J., Leigh S.D., Liu H-K. Interlaboratory comparison of autoradiographic profiling measurements. 1. Data and summary statistics // *Anal. Chem.* 1994. V.66(20). P.3303-3317. doi:10.1021/ac00092a005
 92. Nakahori Y1, Hamano K, Iwaya M, Nakagome Y. Sex identification by polymerase chain reaction using X - Y homologous primer // *American Journal of Medical Genetics.* 1991. V. 39(4). P. 472-473. DOI: 10.1002/ajmg.1320390420
 93. Nakamura Y, Leppert M, O'Connell P, Wolff R, Holm T, Culver M, Martin C, Fujimoto E, Hoff M, Kumlin E, White R. Variable number of tandem repeat (VNTR) markers for human gene mapping // *Science.* 1987. V. 235(4796). P. 1616-1622. DOI: 10.1126/science.3029872
 94. Newmark, P. Biotechnology: DNA fingerprints go commercial // *Nature* 321, 104 (1986) doi:10.1038/321104b0
 95. Novick G.E., Gonzalez T., Garrison J., Novick C.C., Batzer M.A., Deininger P.L., Herrera R.J. The use of polymorphic Alu insertions in human DNA fingerprinting // *EXS.* 1993. V.67. P.283-291. DOI: 10.1007/978-3-0348-8583-6_26
 96. Pereira R, Phillips C, Alves C, Amorim A, Carracedo A, Gusmão L. A new multiplex for human identification using insertion/deletion polymorphisms // *Electrophoresis.* 2009. V.30(21). P.3682-3690. doi: 10.1002/elps.200900274
 97. Phillips C, Gettings KB, King JL, Ballard D, Bodner M, Borsuk L, Parson W. "The devil's in the detail": Release of an expanded, enhanced and dynamically revised forensic STR Sequence Guide // *Forensic Sci Int Genet.* 2018. V.34. P.162-169. doi: 10.1016/j.fsigen.2018.02.017
 98. Polymeropoulos MH, Xiao H, Rath DS, Merrill CR. Tetranucleotide repeat polymorphism at the human tyrosine hydroxylase gene (TH) // *Nucleic Acids Res.* 1991. V.19(13). P.3753.
 99. Prinz M, Boll K, Baum H, Shaler B. Multiplexing of Y chromosome specific STRs and performance for mixed samples // *Forensic Sci Int.*

1997. V.85(3). P.209-218. DOI: 10.1016/S0379-0738(96)02096-8
100. Puers C, Hammond HA, Jin L, Caskey CT, Schumm JW. Identification of repeat sequence heterogeneity at the polymorphic short tandem repeat locus HUMTH01 [AATG] n and reassignment of alleles in population analysis by using a locus-specific allelic ladder // *American Journal of Human Genetics*. 1993. V. 53(4). P. 953-958.
101. Ricci U., Uzielli M. L. G., Klitschar M. Modified primers for D12S391 and a modified silver staining technique // *International Journal of Legal Medicine*. 1999. V.112(5). P. 342-344.
102. Risch NJ, Devlin B. On the probability of matching DNA fingerprints // *Science*. 1992. V.255(5045). P.717-720. DOI: 10.1126/science.1738844
103. Rogaev E.I. Two novel human DNA tandem repeat families from the hypervariable DNA probe homologous to human apolipoprotein CII-gene intron and *D. virilis* satellite // *Nucleic Acids Res*. 1989. V.17(3). P. 1246. doi: 10.1093/nar/17.3.1246
104. Saiki RK, Bugawan TL, Horn GT, Mullis KB, Erlich HA. Analysis of enzymatically amplified beta-globin and HLA-DQ alpha DNA with allele-specific oligonucleotide probes // *Nature*. 1986. V.324(6093). P.163-166. doi: 10.1038/324163a0
105. Saiki R.K., Walsh P.S., Levenson C.H., Erlich H.A. Genetic analysis of amplified DNA with immobilized sequence-specific oligonucleotide probes // *Proc Natl Acad Sci USA*. 1989. V.86(16). P.6230-6234.
106. Samuels J.E., Asplen C. The future of forensic DNA testing: Predictions of the research and development working group. 2000. VCI 183697. 91 P.
107. Santos F., Machado H., Silva S. Forensic DNA databases in European countries: is size linked to performance? // *Life Sci Soc Policy*. 2013. V. 9. P. 12. doi:10.1186/2195-7819-9-12.
108. Schneider P.M., Martin P.D. Criminal DNA databases: the European situation // *Forensic Sci Int*. 2001 Jun 15;119(2):232-8. doi: 10.1016/s0379-0738(00)00435-7
109. Smith M. Universal forensic DNA databases: Balancing the costs and benefits // *Alternative Law Journal*. 2018. V.43(2). P. 131-135. doi: 10.1177/1037969X18765222
110. Stolorow A.M., Duewer D.L., Reeder D.J., Bael E., Herrin G. Interlaboratory comparison of autoradiographic DNA profiling measurements. 3. Repeatability and reproducibility of restriction fragment length polymorphism band sizing, particularly bands of molecular size >10K base pairs // *Anal. Chem*. 1996. V. 68(11). P. 1941-1947. DOI:10.1021/ac951138g
111. Syvänen A.C., Sajantila A., Lukka M. Identification of individuals by analysis of biallelic DNA markers, using PCR and solid-phase mini sequencing // *Am. J. Hum. Genet*. 1993. V.52(1). P.46-59.
112. Teodorović S., Mijović D., Radovanović Nenadić U., Savić M. Attitudes regarding the national forensic DNA database: Survey data from the general public, prison inmates and prosecutors' offices in the Republic of Serbia // *Forensic Sci Int Genet*. 2017. V. 28. P. 44-51. doi: 10.1016/j.fsigen.2017.01.007
113. Urquhart A., Kimpton C.P., Downes T.J., Gill P. Variation in short tandem repeat sequences--a survey of twelve microsatellite loci for use as forensic identification markers // *Int. J. Legal Med*. 1994. V.107(1). P.13-20. doi: 10.1007/BF01247268
114. U.S. Congress, Office of Technology Assessment, Genetic Witness: Forensic Uses of DNA Tests, OTA-BA-438 (Washington, DC: U.S. Government Printing Office, July 1990).
115. Van der Walt L.M. A South African Intelligence DNA Database: Panacea or Panopticon? // *South African Journal on Human Rights*. 2011. V. 27. P. 496-521. doi: 10.1080/19962126.2011.11865026
116. Van Neste C., Van Criekinge W., Deforce D., Van Nieuwerburgh F. Forensic Loci Allele Database (FLAD): Automatically generated, permanent identifiers for sequenced forensic alleles // *Forensic Sci. Int. Genet*. 2016. V.20. e1-e3. doi: 10.1016/j.fsigen.2015.09.006
117. 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.683-6834. DOI: 10.1126/science.2880398
118. Watson J.D., Crick F.H.C. A structure for deoxyribose nucleic acid // *Nature*. 1953. V. 171(4356). P. 737-738. doi:10.1038/171737a0
119. Weber J.L., May P.E. An abundant new class of human DNA polymorphisms // *Am. J. Hum. Genet*. 1988. V. 43. Suppl. A161. (0643). 19.101
120. Werrett D.J. The National DNA Database // *Forensic Sci. Int*. 1997. V. 88. P. 33-42.
121. Wickenheiser R.A. The business case for using forensic DNA technology to solve and prevent crime // *J. Biolaw Business*. 2004. V. 7. P. 34-50.
122. Wiegand P., Lareu M.V., Schürenkamp M., Kleiber M., Brinkmann B. D18S535, D1S1656 and D10S2325: three efficient short tandem repeats for forensic genetics // *Int J Legal Med*. 1999. V.112(6). P.360-363.
123. Williamson R., Duncan R. DNA testing for all // *Nature*. 2002. V. 418. P. 585-586.

124. Wong Z, Wilson V, Patel I, Povey S, Jeffreys AJ. Characterization of a panel of highly variable minisatellites cloned from human DNA // *Annals of Human Genetics*. 1987. V. 51(4). P. 269-288.

References

1. Aminev F.G., Anisimov V.A., Lutsenko V.I., Sagitov A.M., Khusnutdinova E.K., Chemeris A.V. Peculiarities of the Legislative Regulation in Establishing and Functioning of National DNA Database Systems (Case Study of Great Britain, the USA, China and Russia). *Journal of Siberian Federal University. Humanities & Social Sciences*. 2019. T. 12(11). C.1990–2000. DOI: 10.17516/1997–1370–0505
2. Aronson J.D. DNA fingerprinting on trial: the dramatic early history of a new forensic technique. *Endeavour*. 2005. V. 29. P. 126-131. DOI: 10.1016/j.endeavour.2005.04.006
3. Avery O.T., MacLeod C.M., McCarty M. Studies of the chemical nature of the substance inducing transformation of pneumococcal types. Induction of transformation by a desoxyribonucleic acid fraction isolated from *Pneumococcus* Type III. *J. Exp. Med.* 1944. V.79(2). P.137–158. DOI: 10.1084/jem.79.2.137
4. Boonderm N., Suriyanratakorn D., Wongvoravivat C., Sangpueng S., Nettekul A., Waiyawuth W.. Effectiveness of CIFS DNA database in Thailand. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series*. 2017. V. 6. e585-e586. doi:10.1016/j.fsigss.2017.09.220
5. Budowle B., Monson K.L., Giusti A.M., Brown B.L. The assessment of frequency estimates of Hae III-generated VNTR profiles in various reference databases. *J. Forensic Sci.* 1994. V.39(2). P.319-352.
6. Budowle B., Lindsey J.A., DeCou J.A., Koons B.W., Giusti A.M., Comey C.T. Validation and population studies of the loci LDLR, GYPA, HBGG, D7S8, and Gc (PM loci), and HLA-DQ alpha using a multiplex amplification and typing procedure. *J. Forensic Sci.* 1995. V.40(1). P.45-54.
7. Buel E., Schwartz M.B., LaFountain M.J. Capillary electrophoresis STR analysis: comparison to gel-based systems. *J Forensic Sci.* 1998. V.43(1). P.164-170.
8. Bugawan T.L., Saiki R.K., Levenson L.H., Watson R.M., Erlich H.A. The use of non-radioactive oligonucleotide probes to analyze enzymatically amplified DNA for prenatal diagnosis and forensic HLA typing. *BioTechnology*. 1988. V. 6.P. 943-947. doi:10.1038/nbt0888-943
9. Butler J.M., Levin B.C. Forensic applications of mitochondrial DNA. *Trends Biotechnol.* 1998. V.16(4). P.158-162. DOI: 10.1016/s0167-7799(98)01173-1
10. Butler J.M. DNA databases: uses and issues. *Advanced Topics in Forensic DNA Typing: Methodology*. 2012. V. P.213-270. DOI: 10.1016/B978-0-12-374513-2.00008-7
11. Byrne J., Dahm R. Friedrich Miescher and the 150th anniversary of the discovery of DNA. *Biomics*. 2019. V.11(3). P. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2019-
12. Castella V., Gervais J., Hall D. DIP-STR: highly sensitive markers for the analysis of unbalanced genomic mixtures. *Hum Mutat*. 2013. V.34(4). P.644-654. doi: 10.1002/humu.22280
13. Chakraborty R., Stivers D.N., Su B., Zhong Y., Budowle B. The utility of short tandem repeat loci beyond human identification: implications for development of new DNA typing systems. *Electrophoresis*. 1999. V.20. P.1682-1696. DOI: 10.1002/(SICI)1522-2683(19990101)20:8<1682::AID-ELPS1682>3.0.CO;2-Z
14. 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)
15. Chronicle. Ryskov Aleksei Petrovich. *Genetika*. 2011. V.47(2). P.284-285 (In Russian)
16. Dallapiccola B., Novelli G., Spinella A. PCR DNA typing for forensics. *Nature*. 1991. V.354. P. 179. doi:10.1038/354179a0
17. Dedrickson K. Universal DNA databases: a way to improve privacy? *Journal of Law and the Biosciences*. 2017. V. 4(3). P. 637–647. <https://doi.org/10.1093/jlb/lx041>
18. Delahunty C, Ankener W, Deng Q, Eng J, Nickerson DA. Testing the feasibility of DNA typing for human identification by PCR and an oligonucleotide ligation assay. *Am J Hum Genet*. 1996. V.58(6). P.1239-1246.
19. Devlin B, Risch N. Ethnic differentiation at VNTR loci, with special reference to forensic applications. *Am. J. Hum. Genet.* 1992. V. 51. P. 534-548.
20. Divne A.M., Edlund H., Allen M. Forensic analysis of autosomal STR markers using Pyrosequencing. *Forensic Sci. Int. Genet.* 2010. V.4(2). P.122-129. doi: 10.1016/j.fsigen.2009.07.004
21. DNA recommendations - 1992 report concerning recommendations of the DNA Commission of the International Society for Forensic Haemogenetics relating to the use of PCR-based polymorphisms. *Int.*

- J. Legal Med.* 1992. V. 105. P. 63-64. DOI: 10.1007/bf01371243
22. Duewer D.L., Currie L.A., Reeder D.J., Leigh S.D., Liu H.K., Mudd J.L. Interlaboratory comparison of autoradiographic DNA profiling measurements. 2. Measurement uncertainty and its propagation. *Anal. Chem.* 1995. V.67(7). P.1220-1231. DOI: 10.1021/ac00103a013
 23. Duewer D.L., Currie L.A., Reeder D.J., Leigh S.D., Filliben J.J., Liu H.K., Mudd J.L. Interlaboratory comparison of autoradiographic DNA profiling measurements. 4. Protocol effects. *Anal. Chem.* 1997. V.69(10). P.1882-1892. DOI:10.1021/ac961070k
 24. Edwards A., Civitello A., Hammond H.A., Caskey C.T. DNA typing and genetic mapping with trimeric and tetrameric tandem repeats. *Am J Hum Genet.* 1991. V.49(4). P.746-756.
 25. Edwards A., Hammond H.A., Jin L., Caskey C.T., Chakraborty R. Genetic variation at five trimeric and tetrameric tandem repeat loci in four human population groups. *Genomics.* 1992 Feb;12(2):241-53. DOI: 10.1016/0888-7543(92)90371-x
 26. Fierer N., Lauber C.L., Zhou N., McDonald D., Costello E.K., Knight R. Forensic identification using skin bacterial communities. *Proc Natl Acad Sci USA.* 2010. V.107(14). P.6477-6481. doi: 10.1073/pnas.1000162107
 27. Frégeau C.J., Fournay R.M. DNA typing with fluorescently tagged short tandem repeats: a sensitive and accurate approach to human identification. *Biotechniques.* 1993. V.15(1). P.100-119.
 28. Garafutdinov R.R., Chemeris A.V. "Russian traces" in early nucleic acids research. *Biomics.* 2019. V.11(3). P. 266-281. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2019-25 (In Russian)
 29. Garafutdinov R.R., Sakhabutdinova A.R., Vasilov R.G., Chemeris A.V. Genetic barcoding related individuals. *Yu.A. Ovchinnikov Bulletin of Biotechnology and Physical and Chemical Biology.* 2015. V.11(2). P.20-26. (In Russian)
 30. Garafutdinov R.R., Sahabutdinov A.R., Chubukov O.V., Chemeris A.V. Novaja sistema DNK-identifikacii cheloveka na osnove geneticheskikh identifikacionnyh numerov // Fundamental and applied research in the field of forensic expertise and DNA registration of the population of the Russian Federation: materials of the all-Russian scientific and practical conference with international participation, Ufa, October 17-18, 2019. P. 73-74. [New system of human DNA identification based on genetic identification numbers] (In Russian)
 31. Gaudette B.D. Databanks. *Encyclopedia of Forensic Sciences* / Editor-in-Chief: Siegel J.A. Academic Press. 2000. P. 486-490. DOI: 10.1006/rwfs.2000.0474
 32. Ge J., Budowle B., Planz J.V., Chakraborty R. Haplotype block: a new type of forensic DNA markers. *Int J Legal Med.* 2010. V.124(5). P.353-361. doi: 10.1007/s00414-009-0400-5
 33. Gerashchenkov G.A., Garafutdinov R.R., Baymiev An.Kh., Kuluev B.R., Baymiev Al.Kh., Chemeris A.V. The two greatest discoveries of two centuries - the nuclein and the double helix of DNA. *Biomics.* 2019. V.11(3). P. 259-265. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2019-24 (In Russian)
 34. Gettings K.B., Aponte R.A., Vallone P.M., Butler J.M. STR allele sequence variation: Current knowledge and future issues. *Forensic Sci Int Genet.* 2015. V.18. P.118-130. doi: 10.1016/j.fsigen.2015.06.005
 35. Gill P. An assessment of the utility of single nucleotide polymorphisms (SNPs) for forensic purposes. *Int. J. Legal Med.* 2001. V.114(4-5). P.204-210. DOI: 10.1007/s004149900117
 36. 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
 37. Gill P, Sparkes R, Kimpton C. Development of guidelines to designate alleles using an STR multiplex system. *Forensic Sci Int.* 1997. V.89(3). P.185-97. DOI: 10.1016/s0379-0738(97)00131-x
 38. Gill P, Werrett DJ. Exclusion of a man charged with murder by DNA fingerprinting. *Forensic Sci Int.* 1987. V.35(2-3). P.145-148. doi: 10.1016/0379-0738(87)90050-8
 39. Gill P., Werrett D.J. Interpretation of DNA profiles using a computerised database. *Electrophoresis.* 1990. V.11(5). P.444-448. DOI: 10.1002/elps.1150110516
 40. Gill P., Evett I.W., Woodroffe S., Lygo J.E., Millican E., Webster M. Databases, quality control and interpretation of DNA profiling in the Home office Forensic Science Service. *Electrophoresis.* 1991. V. 12(2-3). P. 204-209. doi: 10.1002/elps.1150120217
 41. Graham E.A. DNA reviews: the national DNA database of the United Kingdom. *Forensic Sci. Med. Pathol.* 2007. V. 3. P. 285-288. doi: 10.1007/s12024-007-9014-8.
 42. Gribunov O.P. Objazatel'naja gosudarstvennaja genomnaja registracija kak jelement kriminalisticheskogo preduprezhdenija prestuplenij // Fundamental'nye i prikladnye issledovanija v sfere sudebno-jekspertnoj dejatel'nosti i DNK-registracii naselenija Rossijskoj Federacii: materialy Vserossijskoj nauchno-prakticheskoy konferencii s mezhdunarodnym uchastiem, Ufa, 17-18 oktjabrja 2019 goda. P.81-83. [Obligatory state genomic registration as an element of criminalistic prevention of crimes] (In Russian)

43. Grimes E.A., Noake P.J., Dixon L., Urquhart A. Sequence polymorphism in the human melanocortin 1 receptor gene as an indicator of the red hair phenotype. *Forensic Sci. Int.* 2001. V.122(2-3). P.124-129. doi: 10.1016/S0379-0738(01)00480-7
44. Gršković B., Zrnec D., Vicković S., Popović M., Mršić G. DNA methylation: the future of crime scene investigation? *Mol Biol Rep.* 2013. V.40(7). P.4349-4360. doi: 10.1007/s11033-013-2525-3
45. Hammond H.A., Jin L., Zhong Y., Caskey C.T., Chakraborty R. Evaluation of 13 short tandem repeat loci for use in personal identification applications. *Am J Hum Genet.* 1994. V. 55(1). P. 175-189.
46. Harbison S.A., Hamilton J.F., Walsh S.J. The New Zealand DNA databank: its development and significance as a crime solving tool. *Sci Justice.* 2001. V. 41(1). P. 33-37. doi: 10.1016/S1355-0306(01)71846-1
47. Hazel J.W., Clayton E.W., Malin B.A., Slobogin C. Is it time for a universal genetic forensic database? *Science.* 2018. V.362(6417). P.898-900. doi: 10.1126/science.aav5475
48. Hazel J.W., Clayton E.W., Malin B.A., Slobogin C. Risks of compulsory genetic databases-Response. *Science.* 2019. V.363(6430). P.940. doi: 10.1126/science.aaw8839
49. Herrin G., Fildes N., Reynolds R. Evaluation of the AmpliType® PM DNA Test System on Forensic Case Samples. *Journal of Forensic Sciences.* 1994. V. 39(5). P. 1247-1253. doi: 10.1520/JFS13710J
50. Horn G.T., Richards B., Klinger K.W. Amplification of a highly polymorphic VNTR segment by the polymerase chain reaction. *Nucleic Acids Res.* 1989. V.17. P.2140. doi: 10.1093/nar/17.5.2140
51. Hoyle R. The FBI's national DNA database. *Nature Biotechnology.* 1998. V. 16. P. 987 doi: 10.1038/3402
52. Hwa H.L., Chung W.C., Chen P.L., Lin C.P., Li H.Y., Yin H.I., Lee J.C. A 1204-single nucleotide polymorphism and insertion-deletion polymorphism panel for massively parallel sequencing analysis of DNA mixtures. *Forensic Sci. Int. Genet.* 2018. V.32. P.94-101. doi: 10.1016/j.fsigen.2017.11.002
53. Ivanov PL, Gurtovaia SV, Plaksin VO, Verbovaia LV, Ryskov AP. Genomic "dactyloscopy" with the use of bacteriophage M13 as a DNA probe (the expertise of material evidence and personal identification). *Sud Med Ekspert.* 1989. V.32(4). P.39-42. (In Russian)
54. Ivanov P.L. Individualizacija cheloveka i identifikacija lichnosti: molekularnaja biologija v sudebnoj jekspertize. *Vestnik Rossijskoj akademii nauk.* 2003. V. 73(12). P. 1085-1097. [Individualization of the person and identification of the person: molecular biology in forensic examination] (In Russian)
55. Jeffreys A.J., MacLeod A., Tamaki K., Neil D.L., Monckton D.G. Minisatellite repeat coding as a digital approach to DNA typing. *Nature.* 1991. V.354(6350). P.204-209. DOI: 10.1038/354204a0
56. Jeffreys A.J., Wilson V., Thein S.L. Individual-specific 'fingerprints' of human DNA. *Nature.* 1985. V.316(6023). P.76-79. DOI: 10.1038/316076a0
57. Jeffreys A.J., Wilson V., Neumann R., Keyte J. Amplification of human minisatellites by the polymerase chain reaction: towards DNA fingerprinting of single cells. *Nucleic Acids Res.* 1988. V.16(23). P.10953-10971.
58. Jin L., Zhong Y., Chakraborty R. The exact numbers of possible microsatellite motifs. *Am. J. Hum. Genet.* 1994. V.55(3). P.582-583.
59. Jobling M.A. Y-chromosomal SNP haplotype diversity in forensic analysis. *Forensic Sci Int.* 2001. V.118(2-3). P.158-162. doi: 10.1016/S0379-0738(01)00385-1
60. Johnson P., Williams R., Martin P. Genetics and Forensics: Making the National DNA Database // *Sci. Stud.* 2003. V. 16. P. 22-37.
61. Joly Y., Marrocco G., Dupras C. Risks of compulsory genetic databases. *Science.* 2019. V.363(6430). P.938-940. doi: 10.1126/science.aaw4347
62. Kaye D.H., Smith M.E. DNA identification databases: legality, legitimacy, and, and the case for population-wide coverage. *Wisconsin Law Review.* 2003. P.413-459.
63. Kimpton C.P., Gill P., Walton A., Urquhart A., Millican E.S., Adams M. Automated DNA profiling employing multiplex amplification of short tandem repeat loci. *PCR Methods Appl.* 1993. V.3(1). P.13-22. DOI: 10.1101/gr.3.1.13
64. Kimpton C., Fisher D., Watson S., Adams M., Urquhart A., Lygo J., Gill P. Evaluation of an automated DNA profiling system employing multiplex amplification of four tetrameric STR loci. *Int J Legal Med.* 1994. V.106(6). P.302-311. DOI: 10.1007/bf01224776
65. Kimpton CP, Oldroyd NJ, Watson SK, Frazier RR, Johnson PE, Millican ES, Urquhart A, Sparkes BL, Gill P. Validation of highly discriminating multiplex short tandem repeat amplification systems for individual identification. *Electrophoresis.* 1996. V.17(8). P.1283-1293. DOI: 10.1002/elps.1150170802
66. Kleshhenko E. DNK i ee chelovek. Kratkaja istorija DNK-identifikacii / Elena Kleshhenko. nauchn. red. d-r biol. nauk S. Borinskaja. M.: Al'pina non-fikshn, 2019. 314 s. [DNA and its people. A brief history of DNA identification] (In Russian)

67. Lambert J.A., Scranage J.K., Evett I.W. Large scale database experiments to assess the significance of matching DNA profiles. *Int. J. Legal Med.* 1995. V.108. P. 8-13.
68. Lee J.C.I., Chang J.G. ABO genotyping by polymerase chain reaction. *Journal of Forensic Science.* 1992. V. 37(5). P. 1269-1275.
69. Litt M., Luty J.A. A hypervariable microsatellite revealed by in vitro amplification of a dinucleotide repeat within the cardiac muscle actin gene. *Am J Hum Genet.* 1989. V.44(3). P.397-401.
70. Liu Z., Liu J., Wang J., Chen D., Liu Z., Shi J., Li Z., Li W., Zhang G., Du B. A set of 14 DIP-SNP markers to detect unbalanced DNA mixtures. *Biochem Biophys Res Commun.* 2018. V.497(2). P.591-596. doi: 10.1016/j.bbrc.2018.02.109
71. Lukomsкая A.S. K voprosu o gosudarstvennoj genomnoj registracii. *Vestnik Orenburgskogo gosudarstvennogo universiteta.* 2012. V. 139(3). P. 92-94. [On the issue of state genomic registration] (In Russian)
72. Marjanović D., Konjhođić R., Butorac S.S., Drobnic K., Merkas S., Lauc G., Primorac D., Andjelinović S., Milosavljević M., Karan Z., Vidović S., Stojković O., Panić B., Vucetić Dragović A., Kovacević S., Jakovski Z., Asplen C, Primorac D. Forensic DNA databases in Western Balkan region: retrospectives, perspectives, and initiatives. *Croat Med J.* 2011. V. 52(3). P. 235 - 244. doi: 10.3325/cmj.2011.52.235
73. Martin P.D. National DNA database-practice and practicability. A forum for discussion. *International Congress Series.* 2004. V. 1261. P. 1 – 8. doi:10.1016/S0531-5131(03)01844-2
74. Martin P.D., Schmitter H., Schneider P.M. A brief history of the formation of DNA databases in forensic science within Europe. *Forensic Sci Int.* 2001. V. 119(2). P. 225-231. doi: 10.1016/s0379-0738(00)00436-9
75. Mayorova E.I. Pljusy i minusy vseobshhej genomnoj registracii // Fundamental'nye i prikladnye issledovaniya v sfere sudebno-jekspertnoj dejatel'nosti i DNK-registracii naselenija Rossijskoj Federacii: materialy Vserossijskoj nauchno-praktičeskoj konferencii s mezhdunarodnym uchastiem, Ufa, 17-18 oktjabrja 2019 goda. P.183-189. [Pros and cons of universal genomic registration] (In Russian)
76. McEwen J.E. Forensic DNA data banking by state crime laboratories. *Am. J. Hum. Genet.* 1995. V. 56. 1487-1492.
77. Miescher F. Ueber die chemische Zusammensetzung der Eiterzellen. *Medicinchemische Untersuchungen.* 1871. V.4. P. 441–460.
78. Milot E., Lecomte M.M., Germain H., Crispino F. The National DNA Data Bank of Canada: a Quebecer perspective. *Front. Genet.* 2013. V. 20. P. 249. doi: 10.3389/fgene.2013.00249.
79. Mo S.K., Ren Z.L., Yang Y.R., Liu Y.C., Zhang J.J., Wu H.J., Li Z., Bo X.C., Wang S.Q., Yan J.W., Ni M. A 472-SNP panel for pairwise kinship testing of second-degree relatives. *Forensic Sci. Int. Genet.* 2018. V.34. P.178-185. doi: 10.1016/j.fsigen.2018.02.019
80. Mountain J.L., Knight A., Jobin M., Gignoux C., Miller A., Lin A.A., Underhill P.A. SNPSTRs: empirically derived, rapidly typed, autosomal haplotypes for inference of population history and mutational processes. *Genome Research.* 2002. V. 12(11). P. 1766-1772. DOI: 10.1101/gr.238602
81. Mudd J.L., Baechtel F.S., Duewer D.L., Cume L.A., Reeder D.J., Leigh S.D., Liu H-K. Interlaboratory comparison of autoradiographic profiling measurements. 1. Data and summary statistics. *Anal. Chem.* 1994. V.66(20). P.3303-3317. doi:10.1021/ac00092a005
82. Nakahori Y1, Hamano K, Iwaya M, Nakagome Y. Sex identification by polymerase chain reaction using X - Y homologous primer. *American Journal of Medical Genetics.* 1991. V. 39(4). P. 472-473. DOI: 10.1002/ajmg.1320390420
83. Nakamura Y, Leppert M, O'Connell P, Wolff R, Holm T, Culver M, Martin C, Fujimoto E, Hoff M, Kumlin E, White R. Variable number of tandem repeat (VNTR) markers for human gene mapping. *Science.* 1987. V. 235(4796). P. 1616-1622. DOI: 10.1126/science.3029872
84. Newmark, P. Biotechnology: DNA fingerprints go commercial. *Nature* 321, 104 (1986) doi:10.1038/321104b0
85. Novick G.E., Gonzalez T., Garrison J., Novick C.C., Batzer M.A., Deininger P.L., Herrera R.J. The use of polymorphic Alu insertions in human DNA fingerprinting. *EXS.* 1993. V.67. P.283-291. DOI: 10.1007/978-3-0348-8583-6_26
86. Panova A.A., Sokolov A.F. Vseobshhaja genomnaja registracija: pro et contra. *Enciklopedija sudebnoj ekspertizy.* 2014. №1(3). http://www.proexpertizu.ru/general_questions/616/ [Universal genomic registration: pro et contra] (In Russian)
87. Pereira R, Phillips C, Alves C, Amorim A, Carracedo A, Gusmão L. A new multiplex for human identification using insertion/deletion polymorphisms. *Electrophoresis.* 2009. V.30(21). P.3682-3690. doi: 10.1002/elps.200900274
88. Perepechina I.O. Razrabotka problemy sudebno-medicinskoj geneticheskoi identifikacii. *Chernye dyry v Rossijskom zakonodatel'stve.* 2002. (4). P.

- 208-258. [Development of the problem of forensic genetic identification] (In Russian)
89. Phillips C, Gettings KB, King JL, Ballard D, Bodner M, Borsuk L, Parson W. "The devil's in the detail": Release of an expanded, enhanced and dynamically revised forensic STR Sequence Guide. *Forensic Sci Int Genet.* 2018. V.34. P.162-169. doi: 10.1016/j.fsigen.2018.02.017
 90. Pimenov M.G. Teoreticheskie i metodicheskie osnovy sudebno-geneticheskoy jekspertizy tkanej i vydelenij cheloveka. Kand. dissert. M.: 2004. 214 P. [Theoretical and methodological foundations of forensic genetic examination of human tissues and secretions] (In Russian)
 91. Pimenov M.G., Kul'tin A.Ju., Kondrashov S.A. Nauchnye i prakticheskie aspekty kriminalisticheskogo DNK-analiza. M.: GU JeKC MVD Rossii. 2001. 144 P. [Scientific and practical aspects of forensic DNA analysis. M.: state forensic science center of the MIA of Russia] (In Russian)
 92. Polymeropoulos MH, Xiao H, Rath DS, Merrill CR. Tetranucleotide repeat polymorphism at the human tyrosine hydroxylase gene (TH). *Nucleic Acids Res.* 1991. V.19(13). P.3753.
 93. Prinz M, Boll K, Baum H, Shaler B. Multiplexing of Y chromosome specific STRs and performance for mixed samples. *Forensic Sci Int.* 1997. V.85(3). P.209-218. DOI: 10.1016/S0379-0738(96)02096-8
 94. Puers C, Hammond HA, Jin L, Caskey CT, Schumm JW. Identification of repeat sequence heterogeneity at the polymorphic short tandem repeat locus HUMTH01 [AATG] n and reassignment of alleles in population analysis by using a locus-specific allelic ladder. *American Journal of Human Genetics.* 1993. V. 53(4). P. 953-958.
 95. Ricci U., Uzielli M. L. G., Klintschar M. Modified primers for D12S391 and a modified silver staining technique. *International Journal of Legal Medicine.* 1999. V.112(5). P. 342-344.
 96. Risch NJ, Devlin B. On the probability of matching DNA fingerprints. *Science.* 1992. V.255(5045). P.717-720. DOI: 10.1126/science.1738844
 97. Rogaev E.I. Struktura genomnogo uchastka, sodержashhego nestabil'nye jelementy DNK // *Doklady AN SSSR.* 1988. V. 302. P. 324-328. [Structure of a genomic site containing unstable DNA elements] (In Russian)
 98. Rogaev E.I. Two novel human DNA tandem repeat families from the hypervariable DNA probe homologous to human apolipoprotein CII-gene intron and *D. virilis* satellite. *Nucleic Acids Res.* 1989. V.17(3). P. 1246. doi: 10.1093/nar/17.3.1246
 99. Romanovskaja O.V., Romanovskij G.B. Pravovoe regulirovanie genomnoj registracii v Rossijskoj Federacii. *Rossijskaja justicija.* 2013. (8). P. 43-46. [Legal regulation of genomic registration in the Russian Federation] (In Russian)
 100. Ryskov AP, Dzhincharadze AG, Prosnik MI, Ivanov PL, Limborskaia S.A. Genomic fingerprints of organisms from different taxonomic groups: The use of phage M13 DNA as a hybridization probe. *Genetika.* 1988. V. 24(2). P. 227-239. (In Russian)
 101. Saiki RK, Bugawan TL, Horn GT, Mullis KB, Erlich HA. Analysis of enzymatically amplified beta-globin and HLA-DQ alpha DNA with allele-specific oligonucleotide probes. *Nature.* 1986. V.324(6093). P.163-166. doi: 10.1038/324163a0
 102. Saiki R.K., Walsh P.S., Levenson C.H., Erlich H.A. Genetic analysis of amplified DNA with immobilized sequence-specific oligonucleotide probes. *Proc Natl Acad Sci USA.* 1989. V.86(16). P.6230-6234.
 103. Samuels J.E., Asplen C. The future of forensic DNA testing: Predictions o the research and development working group. 2000. *VCJ* 183697. 91 P.
 104. Santos F., Machado H., Silva S. Forensic DNA databases in European countries: is size linked to performance? *Life Sci Soc Policy.* 2013. V. 9. P. 12. doi:10.1186/2195-7819-9-12.
 105. Schneider P.M., Martin P.D. Criminal DNA databases: the European situation. *Forensic Sci Int.* 2001 Jun 15;119(2):232-8. doi: 10.1016/s0379-0738(00)00435-7
 106. Smith M. Universal forensic DNA databases: Balancing the costs and benefits. *Alternative Law Journal.* 2018. V.43(2). P. 131-135. doi: 10.1177/1037969X18765222
 107. Stepanenko D.A., Mitrofanova A.A., Kuzakov D.V. Gosudarstvennaja genomnaja registracija v Rossijskoj Federacii: jeticheskij aspekt // *Fundamental'nye i prikladnye issledovaniya v sfere sudebno-jekspertnoj dejatel'nosti i DNK-registracii naselenija Rossijskoj Federacii: materialy Vserossijskoj nauchno-prakticheskoy konferencii s mezhdunarodnym uchastiem, Ufa, 17-18 oktjabrja 2019 goda.* P.237-243. [State genomic registration in the Russian Federation: ethical aspect] (In Russian)
 108. Stolorow A.M., Duewer D.L., Reeder D.J., Bael E., Herrin G. Interlaboratory comparison of autoradiographic DNA profiling measurements. 3. Repeatability and reproducibility of restriction fragment length polymorphism band sizing, particularly bands of molecular size >10K base pairs. *Anal. Chem.* 1996. V. 68(11). P. 1941-1947. DOI:10.1021/ac951138g

109. Syvänen A.C., Sajantila A., Lukka M. Identification of individuals by analysis of biallelic DNA markers, using PCR and solid-phase mini sequencing. *Am. J. Hum. Genet.* 1993. V.52(1). P.46-59.
110. Teodorović S., Mijović D., Radovanović Nenadić U., Savić M. Attitudes regarding the national forensic DNA database: Survey data from the general public, prison inmates and prosecutors' offices in the Republic of Serbia. *Forensic Sci Int Genet.* 2017. V. 28. P. 44-51. doi: 10.1016/j.fsigen.2017.01.007
111. Urquhart A., Kimpton C.P., Downes T.J., Gill P. Variation in short tandem repeat sequences—a survey of twelve microsatellite loci for use as forensic identification markers. *Int. J. Legal Med.* 1994. V.107(1). P.13-20. doi: 10.1007/BF01247268
112. U.S. Congress, Office of Technology Assessment, Genetic Witness: Forensic Uses of DNA Tests, OTA-BA-438 (Washington, DC: U.S. Government Printing Office, July 1990).
113. Van der Walt L.M. A South African Intelligence DNA Database: Panacea or Panopticon? *South African Journal on Human Rights.* 2011. V. 27. P. 496-521. doi: 10.1080/19962126.2011.11865026
114. Van Neste C., Van Criekinge W., Deforce D., Van Nieuwerburgh F. Forensic Loci Allele Database (FLAD): Automatically generated, permanent identifiers for sequenced forensic alleles. *Forensic Sci. Int. Genet.* 2016. V.20. e1-e3. doi: 10.1016/j.fsigen.2015.09.006
115. Vardanjan A.V. Integracija metodov DNK-analiza v kriminalistiku v kontekste sovremennyh tendencij jevoljucii nauchnogo znanija // Fundamental and applied research in the field of forensic expertise and DNA registration of the population of the Russian Federation: materials of the all-Russian scientific and practical conference with international participation, Ufa, October 17-18, 2019. P. 52-57. [Integration of DNA analysis methods in criminology in the context of modern trends in the evolution of scientific knowledge] (In Russian)
116. 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.683-6834. DOI: 10.1126/science.2880398
117. Vladimirov V.Ju., Gorbulinskaja I.N., Kubitovich S.N. K voprosu o bezopasnosti genomnoj informacii. *Biosfera.* 2018. V.10(1). P. 42-47. [To the question about the security of genomic information] (In Russian)
118. Watson J.D., Crick F.H.C. A structure for deoxyribose nucleic acid. *Nature.* 1953. V. 171(4356). P. 737-738. doi:10.1038/171737a0
119. Weber J.L., May P.E. An abundant new class of human DNA polymorphisms. *Am. J. Hum. Genet.* 1988. V. 43. Suppl. A161. (0643). 19.101
120. Werrett D.J. The National DNA Database. *Forensic Sci. Int.* 1997. V. 88. P. 33-42.
121. Wickenheiser R.A. The business case for using forensic DNA technology to solve and prevent crime. *J. Biolaw Business.* 2004. V. 7. P. 34-50.
122. Wiegand P., Lareu M.V., Schürenkamp M., Kleiber M., Brinkmann B. D18S535, D1S1656 and D10S2325: three efficient short tandem repeats for forensic genetics. *Int J Legal Med.* 1999. V.112(6). P.360-363.
123. Williamson R., Duncan R. DNA testing for all. *Nature.* 2002. V. 418. P. 585-586.
124. Wong Z, Wilson V, Patel I, Povey S, Jeffreys A.J. Characterization of a panel of highly variable minisatellites cloned from human DNA. *Annals of Human Genetics.* 1987. V. 51(4). P. 269-288.