

Таблица 1. Режим амплификации исследуемых препаратов ДНК

95 °С	3 мин	45 циклов
95 °С	10 сек	
55 °С	30 сек	
55-95 °С	15 сек	Плавление с шагом 0,5 °С (81 цикл)

нередко, помимо специфичных ПЦР-продуктов, наблюдали появление неспецифичных ампликонов, о которых судили по температурам плавления, отличным от $84,5 \pm 0,5$ °С. Концентрацию ДНК в таких случаях определяли по следующей формуле:

$$C = C_{\text{общ}} \times P,$$

$$\text{где } P = C_{\text{сп}} / (C_{\text{сп}} + C_{\text{несп}})$$

Обозначения:

C – концентрация ДНК в препарате;

$C_{\text{общ}}$ – суммарная концентрация всех ампликонов;

P – доля ампликонов с температурой плавления $84,5 \pm 0,5$ °С;

$C_{\text{сп}}$ – концентрация ампликонов с температурой плавления $84,5 \pm 0,5$ °С;

$C_{\text{несп}}$ – концентрация неспецифичных ампликонов.

Долю специфичных ампликонов определяли по высоте пиков, соответствующих температуре плавления $84,5 \pm 0,5$ °С. Долю неспецифичных ампликонов определяли по высоте пиков, соответствующих иным температурам плавления.

Статистическую обработку экспериментальных данных проводили с использованием программы STADIA [4]. О достоверности отличий показателей судили по величине t -критерия Стьюдента. Статистически достоверными считали отличия, соответствующие оценке ошибки вероятности $p < 0,05$. Наличие линейной корреляции между признаками оценивали с использованием коэффициентов корреляции, достоверность которых проверяли с помощью t -критерия Стьюдента.

Результаты. По результатам проведенных исследований установлена средняя концентрация ДНК в потожировом веществе на подушечках пальцев рук ($0,04636$ нг/мкл), на ладонях ($0,1281$ нг/мкл) и на передней поверхности предплечий ($0,01975$ нг/мкл) десяти мужчин.

Таким образом, нормированное количество ДНК на 1 см^2 кожи составило, для подушечек пальцев рук – $2,318$ нг; для ладоней – $6,405$ нг; для передней поверхности предплечий – $0,988$ нг.

Выводы. Наибольшая концентрация ДНК отмечается в потожировом веществе ладоней, наименьшая – на передней поверхности предплечий. Промежуточное значение концентрации ДНК в потожировом веществе отмечено на подушечках пальцев рук.

Список литературы

1. Моисеева Т.Ф. Методология комплексного криминалистического исследования потожировых следов человека: Дисс. ... докт. юрид. наук. – М. – 2002. – 307 с.
2. PrepFiler Express™ and PrepFiler Express BTA™ Forensic DNA Extraction Kits User Guide. Applied Biosystems. Life Technologies Corporation. Grand Island. – 2010.
3. Cawthon R.M. Telomere measurement by quantitative PCR / R.M. Cawthon // Nucleic Acids Research. – 2002. – Vol. 30. – № 10. – P. 47.
4. Кулайчев А.П. Методы и средства анализа данных в среде Windows. Stadia 6.0. / А.П. Кулайчев. – М.: Информатика и компьютеры. – 1996. – 257 с.

ТЕХНОЛОГИЯ СОЗДАНИЯ СУДЕБНОЙ РЕФЕРЕНТНОЙ БАЗЫ ДАННЫХ ПО 18 STR ДЛЯ ДНК-ИДЕНТИФИКАЦИИ В РЕСПУБЛИКЕ БЕЛАРУСЬ

Удина И.Г.¹, Веремейчик В.М.², Котова С.А.², Цыбовский И.С.²

¹ ФБУН «Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова», Москва, Россия

² Государственное учреждение «Научно-практический центр Государственного комитета судебных экспертиз Республики Беларусь», Минск, Республика Беларусь

Введение. В судебной медицине и криминалистике ДНК-идентификация применяется для установления отцовства и биологического родства, установления личности жертв терактов, различных стихийных бедствий, таких как цунами и землетрясения, катастроф, крушений, а также погибших в различных войнах и преступников. Для проведения статистических расчетов при проведении ДНК-идентификации необходимо создание популяционных баз данных по судебным аутосомным микросателлитам (STR), которые используются как референтные базы данных (reference data bases). Формирование судебных баз ДНК-данных для судебной экспертизы требует сбора образцов, проведенного с учетом структуры популяции.

Цель и задачи. Разработка технологии по созданию судебной референтной базы данных для ДНК-идентификации в Республике Беларусь по 18 судебным аутосомным STR на основе популяционного, «семейного» и криминалистического массива генотипов.

Материалы и методы. Для населения Республики Беларусь описано создание судебной референтной базы данных на основе 18 аутосомных микросателлитов (STR) с использованием популяционных данных (N=1040) из 11 локальных выборок (1), «семейного» массива генотипов (N=2550) (2,3), полученного при проведении экспертиз по установлению отцовства, и массива генотипов из базы криминалистического учета (N=8756) (4). По данным ан-

кетирования, изученные популяционные выборки состоят на 80% из этнических белорусов и на 20% из лиц другой национальности или смешанных по происхождению. Объединенная база данных включает генотипы 12346 жителей Республики Беларусь из 118 региональных выборок, изученных по 18 аутосомным микросателлитам: 16 тетраплексов STR (D2S1338, TPOX, D3S1358, CSF1PO, D5S818, D8S1179, D7S820, TH01, vWA, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D21S11, F13B и FGA) и два пентануклеотидных STR (Penta D и Penta E) (5).

Основные результаты. По распределению генотипов 18 судебных STR исследованные выборки находятся в равновесии Харди – Вайнберга. Достоверные отличия не выявлены как между отдельными популяциями, так и между выборками из различных историко-этнографических регионов Республики Беларусь (Западное и Восточное Полесье, Поднепровье, Понеманье, Поозерье и Центр), что указывает на отсутствие выраженной генетической подразделенности. Достоверных различий между изученными тремя массивами генотипов также не выявлено, что позволило их объединить и рассматривать суммарную выборку как единую судебную референтную базу данных для 18 судебных STR-локусов. Отличия между референтной базой Республики Беларусь и русскими и украинцами по распределению спектра аутосомных STR также не выявлены, что соответствует близкому генетическому родству трех восточнославянских народов, обусловленному общим происхождением и интенсивными взаимными миграциями. По отдельным STR-локусам установлены достоверные различия между референтной базой Республики Беларусь и популяциями южных и западных славян.

Заключение. Представлена технология создания судебной референтной базы данных для Республики Беларусь на основе популяционного, «семейного» и криминалистического массива генотипов по 18 судебным аутосомным STR. Для обеспечения судебно-экспертной практики в Республике Беларусь показана необходимость использования собственной референтной базы

данных, так как обнаружено несколько достоверных различий между частотами судебных микросателлитов в Республике Беларусь и частотами, рекомендованными производителями стандартных наборов для ДНК-идентификации – фирмами «Promega» и «Applied Biosystems». Предложено использование отдельных судебных баз данных для столицы Республики Беларусь – Минска как мегаполиса с характерными генетико-демографическими процессами, а также для районов с компактным проживанием этнических меньшинств, особенно для меньшинств неславянского происхождения, например, цыган.

Благодарности. Работа частично поддержана Программой фундаментальных исследований Президиума РАН «Живая природа: Современное состояние и проблемы развития» (Подпрограмма «Динамика и сохранение генофондов»).

Список используемой литературы

1. Zhivotovsky L.A., Veremeichyk V.M., Mikulich C.A. et al. A comprehensive population survey on the distribution of STR frequencies in Belarus // *Forensic Sci. Int.* 2007. V. 172. № 2–3. P. 156–160.
2. Zhivotovsky L.A., Veremeichyk V.M., Kuzub N.N. et al. A reference data base on STR allele frequencies in the Belarus population developed from paternity cases // *Forensic Sci. Int. Genet.* 2009. V. 3. № 3. e107–e109.
3. Веремейчик В.М., Кузуб Н.Н., Котова С.А. и др. Полиморфизм 18 аутосомных ДНК-маркеров генома человека у населения Беларуси // *Весті Нац. акад. навук Беларусі. Сер. Біялагіч. навук.* 2009. № 1. С. 56–62.
4. Цыбовский И.С., Веремейчик В.М., Крицкая С.В. и др. Референтная база данных аутосомных ДНК-маркеров: возможности анализа больших массивов генотипов современного населения Беларуси // *Докл. Нац. акад. наук Беларуси.* 2009. Т. 53. № 6. С. 94–99.
5. Цыбовский И.С., Веремейчик В.М., Котова С.А. и др. Создание судебной референтной базы данных по 18 аутосомным STR для ДНК-идентификации в Республике Беларусь. *Генетика.* 2017. № 2. В печати.