

(*δiSmcY*) (393 bp) were identified. Sequence alignments and the further analysis of variability were performed in MEGA7 software package.

An analysis of a variation of mtDNA control region shown significant difference *S. major* from all species contacting with them. The smallest differences were found between the *S. major* and *S. brevicauda*. The most of *S. major* samples have same *δiSmcY*, except for the sample from Sterlibashevsky district in Bashkortostan Republic. It has a unique substitution A/G at locus 197. Also, a sample AY898764 from Genbank (Samarskaya region) has substitution C/G at locus 330. The last substitution was detected in some other species. The studied fragment of *δiSmcY* is a marker feature for differentiation of *S. major* from closely related species except for *S. brevicauda*. The problem of identification of *S. major* genome needs in further selection of species specific molecular genetic markers and an inclusion in the analysis a material from the Eastern and Southern parts of *S. major* area.

Создание судебной референтной базы данных для ДНК-идентификации в Республике Беларусь

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

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

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

ДНК-идентификация применяется в судебной медицине и криминалистике для установления отцовства и биологического родства, установления личности преступников и жертв терактов, различных стихийных бедствий таких, как цунами и землетрясения, катастроф, крушений, а также погибших в различных войнах. 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.

Для населения Республики Беларусь разработана судебная референтная база данных на основе 18-ти аутосомных микросателлитов (STR) с использованием популяционных данных, «семейного» массива генотипов, полученного при проведении экспертиз по установлению отцовства, и массива генотипов из базы криминалистического учета. По данным анкетирования изученные популяционные выборки состоят на 80% из этнических белорусов и на 20% из лиц других национальностей или смешанных по происхождению. Объединенная база данных включает генотипы 12346 жителей Республики Беларусь из 118 региональных выборок, изученных по 18 аутосомным микросателлитам: 16 тетраплектидных 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). 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. Показана необходимость использования собственной референтной базы данных для обеспечения судебно-экспертной практики в Республике Беларусь, 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”. Рекомендовано использование отдельных судебных баз данных для столицы Республики Беларусь — Минска как мегаполиса со смешанным населением и спецификой генетико-демографических процессов, а также для районов с компактным проживанием этнических меньшинств, особенно для меньшинств неславянского происхождения.

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

Developing forensic reference database for DNA-identification in the Republic of Belarus

Udina I.G.¹, Veremeichik V.M.², Kotova S.A.², Tsybovsky I.S.²

¹*Vavilov Institute of General Genetics RAS, Moscow, Russia*

²*State Institution "Scientific Practical Center of the State forensic Expertise Committee of Belarus Republic", Minsk*

In forensic medicine and criminalistics, DNA-identification is used for paternity testing, establishing biological relationship, personal identification of victims of acts of terrorism, various natural calamities such as tsunamis and earthquakes, catastrophes and crashes, and dead in numerous wars, and criminals. For performance of statistical calculations during DNA-identification, developing population data bases by forensic autosomal microsatellites (STR), which are used as reference data bases, is necessary. Formation of forensic DNA data bases for forensic expertise needs taking in consideration population structure during collecting of samples.

In population of the Republic of Belarus Republic, developing forensic reference database by 18 autosomal microsatellites (18 STR) using population data, «familial» dataset obtained during expertise performing for paternity cases and criminalistic registration dataset is described. Basing on questionnaire data, population samples studied consist from 80% ethnic Belorussians and 20% of persons of other or mixed ethnic origin. In the total dataset, genotypes of 12346 inhabitants of Belarus Republic from 118 regional samples studied by 18 autosomal STR: 16 tetranucleotide STR (*D2S1338*, *TPOX*, *D3S1358*, *CSF1PO*, *D5S818*, *D8S1179*, *D7S820*, *TH01*, *vWA*, *D13S317*, *D16S539*, *D18S51*, *D19S433*, *D21S11*, *F13B* и *FGA*) and two pentanucleotide STR (Penta D and Penta E) – are included. The samples studied are in Hardy-Weinberg equilibrium according to genotype distribution. Significant differences were not found between distinct populations and between groups from different historical ethnographic regions of the Republic of Belarus (Western and Eastern Polesye, Podneprovye, Ponemanye, Poozerye and Center) that indicates the absence of prominent genetic differentiation. Significant differences between three large datasets were not observed that allowed us to combine three datasets and consider the united dataset as forensic reference database for the Republic of Belarus by 18 forensic STR. Differences between the forensic reference database and Ukrainians and Russians were, also, not found, that corresponds to close genetic relationship of three Eastern Slavic nations mediated by common origin and intensive mutual migrations. Significant differences were observed between the forensic reference database of the Republic of Belarus and South and Western Slavic populations by several loci. Necessity of using national reference database for support of forensic expertise practice in the Republic of Belarus was demonstrated, as significant differences were observed between the frequencies of several forensic microsatellites in the Republic of Belarus and the frequencies recommended by firms “Promega” and “Applied Biosystems” producing standard sets for DNA-identification. It is

recommended to create special forensic data bases for the capital of the Republic of Belarus – Minsk as megalopolis with mixed population and specific genetic-demographic processes and, also, for regions with compact residence of ethnic minorities, especially, of non-Slavic origin,

The work is partly supported by the Program of Fundamental Researches of RAS Presidium «Alive nature: Modern state and problems of development» Subprogram «Dynamics and conservation of gene pools».