

Проблемы разработки стандартных образцов для идентификации личности в судебной медицине

Рунов А. Л., Вонский М. С.

ФГУП «Всероссийский научно-исследовательский институт метрологии имени Д.И. Менделеева», г. Санкт-Петербург, Россия, e-mail: a.l.runov@vniim.ru

Аннотация: Идентификация личности молекулярно-биологическими методами является неотъемлемой частью современной судебной медицины. Для стандартизации измерительных методов ДНК-анализа, метрологического обеспечения методов секвенирования и фрагментного анализа необходимо создание стандартных образцов, охарактеризованных по последовательности, в том числе - по содержанию коротких tandemных повторов. Создание государственного первичного эталона единицы числа копий ДНК позволит начать разработку СО для судебной медицины.

Ключевые слова: стандартные образцы, идентификация личности, судебная медицина, ДНК, последовательность нуклеотидов, число копий последовательности

Идентификация личности является одной из важнейших задач судебной медицины, востребованной при исследовании вещественных доказательств, установлении кровного родства в экспертизах спорного отцовства, детоубийства, подмены или хищения детей, при эксгумациях неопознанных трупов, массовых катастрофах, террористических актах. Использование молекулярно-генетического анализа позволяет проводить убедительную судебно-медицинскую идентификацию даже в случаях, когда она не может быть проведена другими методами [1, 2].

В основе методов идентификации лежит исследование отдельных участков геномной ДНК человека, которые строго специфичны для каждого индивидуума. Ведущее место занимают методы, основанные на анализе гипервариабельных последовательностей – так называемых мультиаллельных генетических локусов [3]. При этом в роли индивидуализирующих признаков выступают конкретные последовательности ДНК, свойственные данному человеку — своего рода маркеры индивидуальности [4].

На современном этапе развития судебная молекулярно-генетическая экспертиза носит вероятностный характер, который зависит от распространенности выявленного геномного профиля в популяции [5]. Тем не менее, точная идентификация генетического профиля позволяет достоверно утверждать о его принадлежности конкретному человеку [6].

Проведение молекулярно-генетической экспертизы требует использования сложного калибруемого оборудования [7]. Как правило, для этой цели применяют калибраторы, входящие в состав используемых тест-систем. До недавнего времени присвоение значений калибраторам реализовывали с использованием стандартных образцов иностранного производства. При этом в Российской Федерации отсутствуют стандартные образцы утвержденного типа, обеспечивающие метрологическую прослеживаемость измерений в области судебной молекулярно-генетической экспертизы.

Повышение достоверности получаемых результатов, являющееся критическим при принятии судебных решений, требует использования аттестованных методик выполнения измерений, а прослеживаемость результатов измерений может быть достигнута с помощью государственных стандартных образцов, охарактеризованных по содержанию конкретных последовательностей ДНК (профилю генетических локусов) [8].

В настоящее время ФГУП «ВНИИМ им. Д.И. Менделеева» проводит работы по созданию Государственного первичного эталона единицы числа копий последовательности ДНК, в состав которого входит в том числе генетический анализатор, позволяющий охарактеризовывать мультиаллельные генетические локусы. Создание ГПЭ позволит

установить прослеживаемость измерений, выполняемых в судебной медицине с использованием аттестованных методик измерений профилей ДНК и стандартных образцов концентрации копий конкретных последовательностей ДНК.

ЛИТЕРАТУРА

1. Типирование митохондриальной ДНК - новый уровень решения идентификационных задач при судебно-медицинской экспертизе неопознанных останков жертв террористических актов в Москве и вооруженного конфликта в Чеченской Республике / П.Л. Иванов [и др.] // Судебно-медицинская экспертиза. 2001. № 3. С. 20–25.
2. Molecular DNA analysis in forensic identification / R. Dumache [et al.] // Clinical laboratory. 2016. Vol. 62. P. 245–248. <https://doi.org/10.7754/Clin.Lab.2015.150414>
3. Panneerchelvam S., Norazmi M.N. Forensic DNA profiling and database // Malays J Med Sci. 2003. Vol. 10. no. 2. P. 20–26.
4. Brdicka R., Nürnberg P. Checking of individuality by DNA profiling // Journal of Chromatography B: Biomedical Sciences and Applications. 1993. Vol. 25, No 618(1-2). P. 167–179. [https://doi.org/10.1016/0378-4347\(93\)80033-z](https://doi.org/10.1016/0378-4347(93)80033-z)
5. Genetic structure of human populations / N.A. Rosenberg [et al.] // Science. 2002. V. 298. P. 2381–2385. <https://doi.org/10.1126/science.1078311>
6. Пучков А.А., Лаврентьев В.П., Кузнецов С.В. Методика безрасчетной судебногенетической идентификации применительно к чрезвычайным ситуациям // Медико-биологические и социально-психологические проблемы безопасности в чрезвычайных ситуациях. 2016. № 3. С. 85–89. <https://doi.org/10.25016/2541-7487-2016-0-3-85-89>
7. Yuan Li. Study on problems in forensic DNA identification standardization in China and countermeasures for the same // Journal of forensic science and medicine. 2018. Vol. 4. P. 49-58. https://doi.org/10.4103/jfsm.jfsm_84_17
8. An brief introduction of DNA standard reference materials in forensic science of United States / X. Zhao [et al.] // Chinese journal of forensic medicine. 2009. Vol. 24. P. 263–266. <https://doi.org/10.1016/j.amjcard.2008.02.056>