

В.В. Жиркова, Л.В. Григорьева, С.А. Федорова,  
А.Н. Ноговицына, А.Л. Сухомясова, Н.Р. Максимова,  
Э.К. Хуснутдинова

## МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ АУТОСОМНЫХ МИКРОСАТЕЛЛИТОВ, ИСПОЛЬЗУЕМЫХ ПРИ СУДЕБНО-ГЕНЕТИЧЕСКОЙ ЭКСПЕРТИЗЕ В ПОПУЛЯЦИЯХ ЯКУТИИ

**Цель исследования.** Анализ полиморфизма аутомомных микросателлитов, используемых в судебно-генетической экспертизе, в популяциях Якутии (якуты, эвенки, юкагиры и долганы).

**Материалы и методы.** Генотипировано 227 образцов ДНК представителей коренных народов РС (Я) с использованием метода полимеразной цепной реакции.

**Результаты исследования.** Определены частоты аллелей и генотипов микросателлитных маркеров ядерного генома *D3S1358*, *D16S539*, *LPL*, *HUM vWFI* и *D8S179*. Проведена оценка параметров пригодности данных маркеров для идентификационных задач.

**Заключение.** Исследованные аутомомные микросателлитные локусы будут использованы в дальнейшем в криминалистической и судебной практике нашего региона, а именно в молекулярно-генетических анализах идентификации личности, а также при установлении кровного родства.

**The purpose of research.** The analysis of polymorphism of the autosomal microsatellites used in judicial-genetic examination, in populations of Yakutia (Yakuts, Evenks, Yukaghirs and Dolgans).

**Materials and methods.** 227 samples of DNA of representatives of indigenous people of RS (Y) with use of a method of polymerase chain reaction were genotyped.

**Results of research.** Frequencies of alleles and genotypes of microsatellite markers of a nuclear genome *D3S1358*, *D16S539*, *LPL*, *HUM vWFI* and *D8S179* are defined. The estimation of parameters of suitability of the given markers for identification problems is lead.

**The conclusion.** Investigated autosomal microsatellite loci will be used in the further in criminalist and judiciary practice of our region, namely in molecular and genetic analyses of identification of the person, and also at an establishment of consanguinity.

Исследование ДНК во всем мире является одним из наиболее актуальных методов анализа биологического материала в судебно-медицинских и криминалистических исследованиях.

Из различных типов ДНК-маркеров, используемых в судебно-генетических исследованиях, большее предпочтение отдают аутомомным микросателлитам. Микросателлиты представляют собой фрагменты ДНК с большим количеством – до сотни и даже выше – tandemно повторяющихся идентичных «мотивов», обычно называемых «повторами»: коротких последовательностей из нескольких (как обычно приня-

то считать – от одной до шести) пар нуклеотидов [9]. Небольшие размеры микросателлитных локусов позволяют применить метод полимеразной цепной реакции в целях генотипирования и обеспечить высокую воспроизводимость результатов в различных лабораториях. Поскольку размеры микросателлитных аллелей вместе с праймерами обычно не превышают 200-300 п.н., то даже сильно деградированный биологический материал может содержать полноразмерные интактные копии исследуемого фрагмента ДНК, обеспечивая высокую вероятность их успешной амплификации. Именно по этой причине проведение ПЦР небольших участков ДНК, в том числе микросателлитов, оказалось особенно важным для судебно-медицинских исследований и для анализа древних костных остатков [3].

У человека исследовано около десятка тысяч микросателлитных локусов. В судебной медицине используют те из них, которые высокополиморфны (обнаруживают большое число аллелей в популяциях), то есть по

которым проведены популяционные исследования и имеются обширные базы данных [7,8,11].

Существует несколько систем с установленным стандартным набором локусов, по которым проводится ДНК-идентификация. В США, например, принята система CODIS, в которую входит 14 микросателлитных локусов. В европейских странах более распространена система ENFSI, по которой исследуются 9 локусов. В России часто используют систему Power Plex 1.2 фирмы «Promega», включающую 10 микросателлитных локусов.

Одной из основных проблем проведения молекулярно-генетических исследований идентификации личности и установления биологического родства является вопрос интерпретации результатов, полученных в ходе исследования. Особенно остро эта проблема стоит при проведении генетических исследований в случаях спорного отцовства /материнства, когда при исключении отцовства результаты не вызывают сомнений. Рассчитываемые параметры (индекс от-

**ЖИРКОВА Виктория Викторовна** – эксперт-криминалист ЭКЦ МВД РС(Я); сотрудницы ЯНЦ СО РАМН: **ГРИГОРЬЕВА Лена Валерьевна** – к.м.н., гл. н.с., **ФЕДОРОВА Сардана Аркадьевна** – к.б.н., зав. лаб., **НОГОВИЦЫНА Анна Николаевна** – к.м.н., зав. лаб., **СУХОМЯСОВА Айтилина Лукич** – к.м.н., зав. лаб., **МАКСИМОВА Надежда Романовна** – к.м.н., гл. н.с.; **ХУСНУТДИНОВА Эльза Камилевна** – д.б.н., проф., член-кор. АН РБ., зав. отделом Института биохимии и генетики УНЦ РАН.

цовства, вероятность отцовства и другие) основываются на популяционных частотах встречаемости выявленных у исследуемых индивидуумов аллелей. В настоящее время большинство российских лабораторий вынужденно используют для расчетов либо данные по популяциям других стран, либо опубликованные ранее в литературе данные по незначительным выборкам из российской популяции [1].

Между этническими группами существуют значительные различия по частотам аллелей и генотипов отдельных ДНК-локусов. При неправильном выборе референтной популяции величины вероятностей идентификации или биологического родства определяются с погрешностями [3] и могут оспариваться при проведении судебной экспертизы как не соответствующие действительности. Полученный результат ДНК-анализа может не иметь действительной юридической силы в том случае, если предварительно не установлена этническая принадлежность испытуемого, не проведены исследования в этнических группах и не учтены популяционные различия в частотах аллелей. Необходимо подчеркнуть, что популяционные исследования микросателлитных локусов до сих пор были проведены главным образом среди европейских популяций, тогда как для азиатских пока известны некоторые данные по очень ограниченному числу популяций Средней Азии и Тувы. В Республике Саха (Якутия) до настоящего времени исследования аутосомных микросателлитных маркеров в популяциях коренных народов не проводились. Более интенсивные исследования полиморфизма аутосомных диаллельных [6] и минисателлитных [2] маркеров, митохондриальной ДНК и Y-хромосомы [4,5] были проведены в отношении якутов как наиболее многочисленного этноса Сибири. Было установлено, что популяция якутов характеризуется низкими показателями генетического разнообразия в сравнении с другими тюркоязычными этносами и резко отличается от других этносов по своим генетическим характеристикам. Учитывая это, исследования полиморфизма микросателлитных маркеров в популяциях коренных народов Якутии – якутов, юкагиров, долган и эвенков представляют большой интерес как в фундаментальном аспекте для выявления особенностей структуры генофонда отдельных этносов, так и в прикладном – для внедрения в практику криминалистической и судебно-медицинской экспертизы в РС(Я).

**Целью** настоящей работы является анализ полиморфизма аутосомных микросателлитов, используемых в судебно-генетической экспертизе, в популяциях Якутии (якуты, эвенки, юкагиры и долганы).

В соответствии с этой целью были поставлены следующие задачи:

- изучить характер распределения частот аллелей и генотипов микросателлитных маркеров ядерного генома *D3S1358*, *D16S539*, *LPL*, *HUM vWFII* и *D8S179* в популяциях якутов, эвенков, юкагиров и долган, определить уровни их аллельного и генотипического разнообразия;

- оценить параметры пригодности данных маркеров для идентификационных задач.

#### Материалы и методы

В работе использованы 227 образцов ДНК коренных жителей Республики Саха (Якутия). Коллекция составлена из материала банка ДНК отдела молекулярной генетики ЯНЦ СО РАМН, собранного в экспедиционных выездах 2001-2006 гг. В выборку вошли неродственные индивиды, этническую принадлежность которых учитывали до третьего поколения. Всего проанализированы 5 популяций: центральные якуты, населяющие Лено-Амгинское междуречье (Чурапчинский, Усть-Алданский, Хангаласский, Амгинский, Мегино-Кангаласский, Намский улусы) ( $n = 50$ ), вилюйские якуты, проживающие в бассейне реки Вилюй (Сунтарский, Нюрбинский, Вилюйский, Верхневиллюйский улусы) ( $n=47$ ), северные якуты (Верхоянский, Момский, Абыйский, Среднеколымский улусы) ( $n=53$ ), юкагиры Верхнеколымского и Нижнеколымского улусов ( $n=16$ ), долганы Анабарского улуса ( $n=11$ ), эвенки Жиганского, Усть-Майского, Оленекского улусов ( $n=50$ ).

Суммарная ДНК выделена из лимфоцитов методом фенол-хлороформной экстракции с использованием протеиназы К. Матричные препараты ДНК амплифицированы методом ПЦР с помощью реагентов ТАПОТИ-ЛИ (Государственный научный центр Российской Федерации «Госниигенетика», г. Москва). Амплификация проводилась на приборе «Терцик» (ДНК-технология). Продукты амплификации разделялись с помощью электрофореза в 10%-ном полиакриламидном геле с последующим окрашиванием серебром или бромистым этидием. Визуализация проводилась в УФ-свете системы гель-документации («Vilber Lormat», Франция).

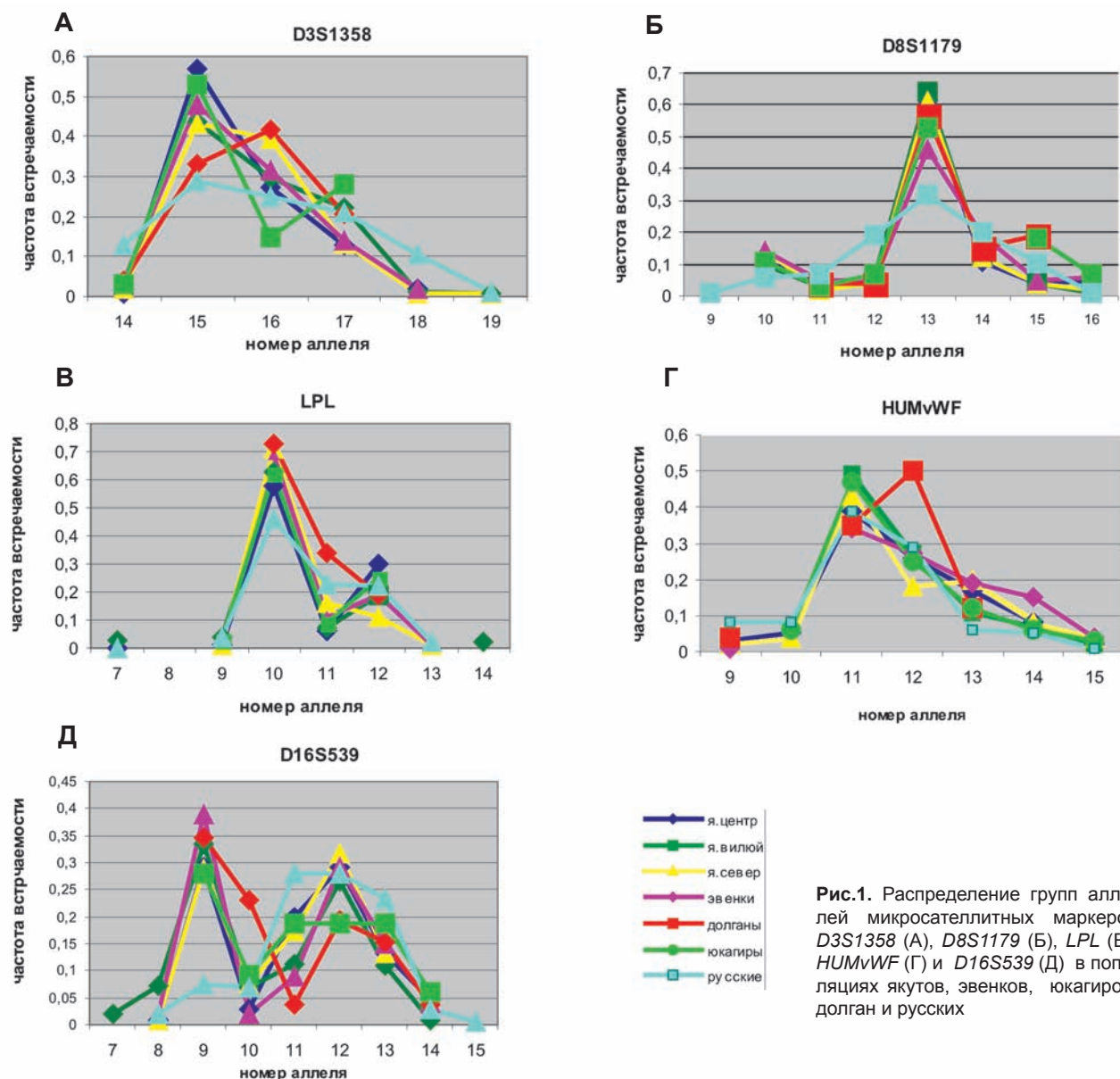
Статистический анализ полученных данных (частоты аллелей и их ошибки, фактическая и теоретическая гетерозиготность, соответствие распределения генотипов равновесию Харди-Вайнберга) проводили с помощью пакета компьютерных программ Genepop (version 3.3, 2001). Ожидаемую гетерозиготность и параметры информативности локусов – вероятность случайного совпадения (MP) и вероятность различения (PD) генотипов двух неродственных индивидуумов, информативность полиморфизма данного локуса (PIC) – рассчитывали с помощью компьютерной программы PowerStatsV12: <http://www.Promega.com>

#### Результаты и обсуждение

Пять анализируемых STR-маркеров *D3S1358*, *D16S539*, *LPL*, *HUM vWFII*, *D8S179* локализованы на разных хромосомах и представляют собой тетраплектидные повторы. ДНК-маркеры *D3S1358*, *D16S539*, *D8S179* входят в национальные базы данных США(CODIS), Германии (GEDNAP) и Великобритании (NCIDD). Мы провели анализ полиморфизма 5 микросателлитных аутосомных локусов у 227 неродственных индивидов из 6 популяций Якутии (якуты центральные, вилюйские и северные, эвенки, юкагиры, долганы).

Микросателлит *D3S1358* расположен на хромосоме 3p21.3. В различных популяциях показано существование 12 аллелей размером от 99 до 147 п.н., включающих от 8 до 20 повторов ТСТА. По маркеру *D3S1358* в общей выборке якутов ( $n = 150$ ) выявлено 6 аллелей (рис.1,А), у эвенков 5 ( $n = 50$ ), у юкагиров ( $n = 16$ ) и у долган ( $n = 12$ ) по 4 аллеля. Из них наиболее распространенным оказался аллель с числом повторов 15 во всех изученных популяциях. Аллель 14-й не был найден у вилюйских якутов. Самый высокомолекулярный 19-й аллель обнаружен только у вилюйских и северных якутов. Из 21 возможного генотипа было выявлено 10 (северные якуты), 8 (центральные якуты), 8 (вилюйские якуты), 11 (эвенки), 6 (юкагиры) и 5 (долганы). Наиболее распространенными во всех группах были генотипы 15-16, 15-15 (рис.2). Для всех исследованных популяций характерно сходное распределение частот аллелей с модальным классом (ТСТА)<sub>15</sub> (аллель 15).

Микросателлит *D16S539* расположен на хромосоме 16q24-qter. В различных популяциях показано существование аллелей от 5 (94 п.н.)



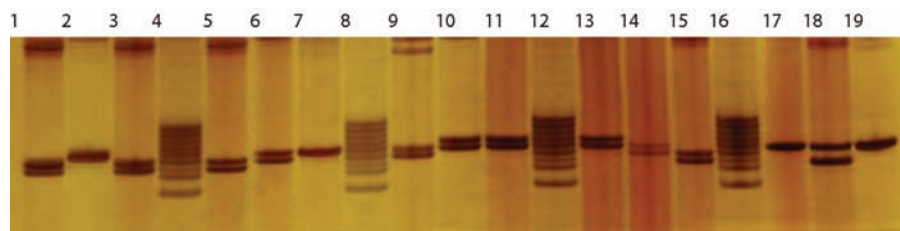
**Рис.1.** Распределение групп аллелей микросателлитных маркеров *D3S1358* (А), *D8S1179* (Б), *LPL* (В), *HUMvWF* (Г) и *D16S539* (Д) в популяциях якутов, эвенков, якугиров, долган и русских

до 16 (138 п.н.), в том числе «промежуточных» аллелей 9.3, 11.3, 12.1, 12.2, 13.3, 14.3. Мы генотипировали по маркеру *D16S539* 53 центральных, 49 вилюйских и 52 северных якутов и обнаружили 8 аллелей. Во всех популяциях отмечено бимодальное распределение с первым пиком в районе аллеля 9, который является основным во всех исследованных популяциях,

и вторым пиком в области аллелей 11-13 (рис.1,Б). У эвенков обнаружено 7 аллелей. У якугиров и долган было найдено по 6 аллелей. Аллели 9,11,12,13-й обладают наибольшими частотами встречаемости во все популяциях. Интересно, что аллель 7-й был обнаружен только у вилюйских якутов. Аллель 8-й не был найден у якугиров и долган. Из 36 возможных

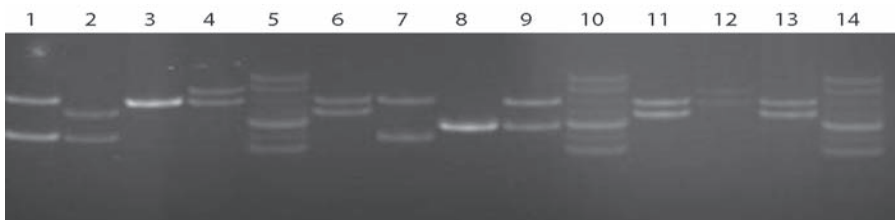
генотипов микросателлита *D16S539* в общей выборке якутов присутствовали 21, у эвенков – 17, у якугиров – 11 и у долган – 7 генотипов. Наиболее часто встречались гетерозиготы 9-12 у якутов и эвенков, у якугиров преобладали гетерозиготы 9-13 (рис.3). Этот маркер характеризуется наибольшим внутривнутрипопуляционным разбросом аллелей и является одним из наиболее переменных.

Микросателлит *D8S179* расположен на хромосоме 8q24.1-q24.2. В популяции русских показано существование аллелей от 8 (90 п.н.) до 17 (126 п.н.). Мы генотипировали по маркеру *D8S179* 52 чел. центральных, 50 – вилюйских, 49 – северных якутов, 50 эвенков и обнаружили 7 аллелей. У якугиров и долган было найдено 6 и 5 аллелей соответственно. Во всех популяциях отмечено унимодальное распределение аллелей с максимальной частотой 13-го аллеля (рис.1,В).

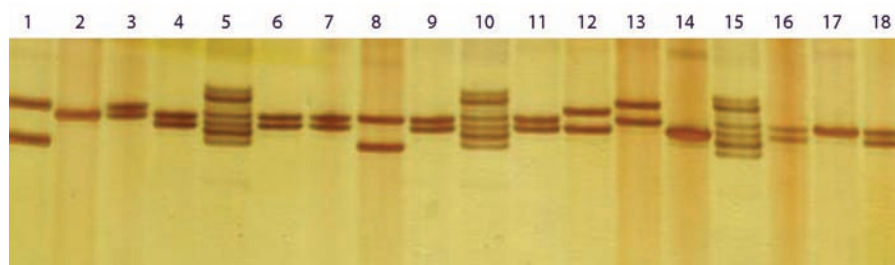


**Рис.2.** Распределение в 10%-ном ПААГ амплифицированных фрагментов аллелей для маркера *D3S1358* (генотипировано 15 неродственных человек): 1-14/15, 2-16/16, 3-14/15, 5-14/15, 6-15/16, 7-16/16, 9-15/16, 10-16/17, 11-16/17, 13-16/17, 14-15/16, 15-14/15, 17-16/16, 18-14/16, 19-16/16. 4,8,12,16-аллельная лестница. Гель окрашен с помощью нитрата серебра

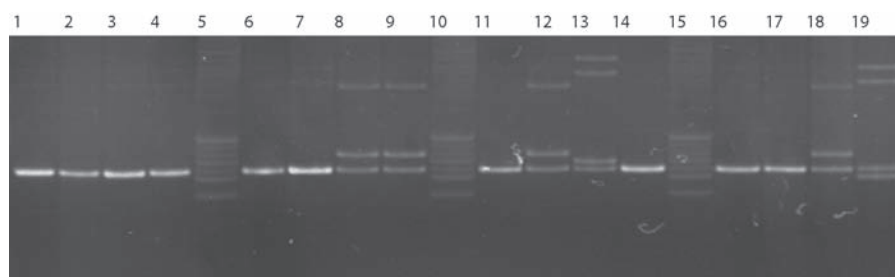




**Рис.3.** Распределение в 10%-ном ПААГ амплифицированных фрагментов аллелей для маркера *D16S539* (генотипировано 9 неродственных человек): 1-9/12, 2-9/11, 3-12/12, 5-11/12, 6-12/12, 7-9/12, 8-10/10, 9- 10/12, 11- 11/12, 12- 12/13, 13-11/12. 5, 10, 14- аллельная лестница. Окрашивание геля проведено раствором бромистого этидия



**Рис.4.** Распределение в 10%-ном ПААГ амплифицированных фрагментов аллелей для маркера *HUM vWFI* ( генотипировано 15 неродственных человек). 1-9/13, 2-12/12, 3-12/13, 4-11/12, 6-11/12, 7-11/12, 8-9/12, 9-11/12, 11- 11/12, 12- 11/13, 13- 12/14, 14- 11/11, 16-11/12, 17-12/12, 18- 11/12. 5, 10, 15-аллельная лестница. Гель окрашен с помощью нитрата серебра



**Рис.5.** Распределение в 10%-ном ПААГ амплифицированных фрагментов аллелей для маркера *LPL* ( генотипировано 16 неродственных человек). 1,2,3,4,6,7-10/10, 8,9-10/12, 11-10/10, 12-10/12, 13-10/11, 14,16,17-10/10, 18-10/12, 19-9/10. 5,10,15-аллельная лестница. Окрашивание геля проведено раствором бромистого этидия

Из 28 возможных генотипов микросателлита *D16S539* в общей выборке якутов выявлено 13, у эвенков – 11, у юкагиров – 9 и у долган – 6 генотипов. Наиболее часто встречались гомозиготы 13-13 во всех исследованных группах.

Микросателлит *HUMvWFI* находится в 3'-концевой части полиморфного участка интрона 40 гена *vWF* (von Willebrand factor, фактор фон Виллебранда). Этот маркер используется в составе идентификационных тест-систем в ряде стран, в том числе в России. В различных популяциях показано существование девяти аллелей – с 8-го (150п.н.) по 16-й (182п.н.), причем у европеоидов аллель 8-й достаточно редкий. Для микросателлита *HUMvWFI* в общей выборке якутов было показано существование 7 аллелей, у юкагиров и эвенков по 6, у долган – 4. Во всех популяциях отмечено

унимодальное распределение аллелей с максимальной частотой 11-го аллеля. При этом во всех изученных популяциях наибольшие частоты имеют аллели 11,12 и 13-й. У вилюйских якутов и юкагиров отсутствовал аллель 9-й, у эвенков – 10-й, а у долган не были найдены аллели 10, 14 и 15-й. Из 28 возможных генотипов выявили 15 (центральные якуты, северные якуты), 11 (вилюйские якуты, эвенки), 10 (юкагиры) и 5 (долганы) генотипов. Самыми распространенными во всех группах были генотипы 11-11, 11-12 и 11-13 (рис.4).

Микросателлит *LPL* расположен в 6-м интроне гена липопротеин-липазы (хромосомная локализация 8p22). Этот маркер включен в состав коммерческих наборов «Promega». В различных популяциях показано существование аллелей 7 (105 п.н.) – 16 (141 п.н.). По маркеру *LPL* при анализе

46 неродственных представителей вилюйских якутов выявлено 6 аллелей, у центральных и северных якутов – по 5, у юкагиров – 4 и у долган – 3 аллеля. При этом у центральных и вилюйских якутов обнаружен аллель 7-й, который отсутствует у северных якутов, юкагиров и у долган. Самый высокомолекулярный аллель 14-й встречается только у вилюйских якутов. У северных якутов показано наличие аллеля 13-го. В силу высокой частоты аллеля 10 (как правило, более 40%) *LPL* характеризуется наименьшим уровнем гетерозиготности. Как видно из рис.5, при генотипировании преобладают гомозиготы по генотипу 10/10.

В целом в исследованных популяциях обнаружен высокий «запас» генетического разнообразия по микросателлитным локусам. Всего в популяциях Якутии по 5 исследованным локусам выявлено 35 аллелей. Уровень теоретической гетерозиготности 6 популяций различается, варьируя от 0,423 у долган до 0,802 у юкагиров. Наиболее высокий уровень генетического разнообразия по маркеру *D3S1358* установлен у долган и вилюйских якутов (0,670), а наименьший – у центральных якутов (0,584). Значения  $H_{exp}$  в маркере *D16S539* варьируют от 0,762 у северных якутов до 0,802 у юкагиров. По маркеру *HUMvWFI* более высокий уровень генетического разнообразия выявлен у северных якутов (0,727), а наименьший у долган (0,610). Наиболее высокий уровень генетического разнообразия по маркеру *LPL* установлен у центральных якутов (0,567), а наименьший – у долган (0,423). Для маркера *D8S179* значения  $H_{exp}$  варьируют от 0,559 у вилюйских якутов до 0,721 у эвенков.

Во всех популяциях не выявлено существенных отклонений от равновесия Харди-Вайнберга. По наличию редких аллелей в маркерах *D3S1358*, *D16S539*, *LPL* отличается группа вилюйских якутов. Мы провели сравнительный анализ распределения частот встречаемости аллелей микросателлита *D3S1358* в популяциях якутов с аналогичными данными по разным расам. Распределение аллелей среди центральных, вилюйских, северных якутов, эвенков оказалось очень близким, однако для других этнических выборок, таких как русские, европеоиды Северной Америки и афроамериканцы США, результаты  $R_{XC}$ -анализа говорят о значимых отличиях от якутов (данные не приведены).

Распределение групп аллелей мик-

Параметры информативности микросателлитных маркеров

Маркер	Популяция		H <sup>obs</sup>	H <sup>exp</sup>	MP	PD	PIC	ne
D3S1358	Долганы		0,75	0,670	0,264	0,736	0,606	3,03
	Юкагиры		0,50	0,613	0,226	0,773	0,550	2,58
	Якуты	центр.	0,549	0,585	0,223	0,777	0,522	2,40
		виллой.	0,617	0,670	0,176	0,824	0,607	3,03
		северн.	0,673	0,639	0,224	0,776	0,568	2,76
	Эвенки		0,653	0,647	0,189	0,810	0,586	2,83
D16S539	Долганы		0,8462	0,7633	0,219	0,7810	0,726	4,22
	Юкагиры		0,8125	0,8027	0,1484	0,8515	0,774	5,06
	Якуты	центр.	0,7736	0,7691	0,099	0,90067	0,732	4,33
		виллой.	0,8367	0,7803	0,1162	0,8837	0,750	4,55
		северн.	0,7308	0,7620	0,102	0,8979	0,724	4,20
	Эвенки		0,68	0,73	0,141	0,858	0,689	0,398
HUMvVWF1	Долганы		0,6923	0,6154	0,254	0,7455	0,544	2,6
	Юкагиры		0,500	0,6934	0,1640	0,8359	0,658	3,26
	Якуты	центр.	0,76	0,712	0,1304	0,8696	0,703	3,86
		виллой.	0,6809	0,6657	0,152	0,8483	0,617	2,99
		северн.	0,6538	0,7278	0,108	0,8942	0,691	3,67
	Эвенки		0,68	0,731	0,141	0,858	0,689	3,714
LPL	Долганы		0,415	0,4231	0,396	0,603	0,376	1,73
	Юкагиры		0,5625	0,5371	0,265	0,734	0,479	2,16
	Якуты	центр.	0,5600	0,5674	0,2368	0,7632	0,501	2,31
		виллой.	0,4783	0,5551	0,252	0,7476	0,516	2,24
		северн.	0,50	0,4544	0,3395	0,660	0,415	1,83
	Эвенки		0,46	0,475	0,323	0,67	0,428	1,9
D8S1179	Долганы		0,615	0,603	0,231	0,770	0,559	2,522
	Юкагиры		0,500	0,658	0,163	0,836	0,624	2,925
	Якуты	центр.	0,634	0,601	0,201	0,798	0,576	2,506
		виллой.	0,560	0,559	0,228	0,771	0,534	2,271
		северн.	0,591	0,585	0,206	0,793	0,555	2,413
	Эвенки		0,68	0,721	0,112	0,887	0,690	3,59

Примечание. H<sup>obs</sup> – наблюдаемая гетерозиготность, H<sup>exp</sup> – теоретическая гетерозиготность, PIC – информационное содержание полиморфизма, PD – дискриминационный потенциал, MP – вероятность случайного совпадения генотипов двух неродственных индивидуумов, ne – эффективное число аллелей.

росателлитных маркеров *D3S1358*, *HUMvWFII*, *D16S539*, *D8S179* и *LPL* приведено в рис. 1.

В зависимости от значения информационного содержания полиморфизма (PIC) исследованные локусы распадаются на две категории. К первой относятся высокоинформативные (PIC > 0,5) локусы *D3S1358*, *HUMvWFII*, *D16S539* и *D8S179*. Ко второй – умеренно информативный (0,5 > PIC > 0,25) маркер *LPL*. К слабоинформативным (PIC < 0,25) маркерам не относится ни один из исследованных локусов.

Сравнение параметров информативности 5 исследованных микросателлитных маркеров (таблица) позволяет сделать заключение о значительно большей информативности и как следствие большей практической ценности микросателлита *D16S539* для идентификации личности в исследованных популяциях. Данный маркер характеризуется более высоким уровнем полиморфизма и гетерозиготности.

Если проанализировать дискриминационный потенциал этой системы, то в суммарной выборке мы не встретили двух индивидов с одинаковым мультилокусным генотипом по 5 маркерам. Вероятность случайного совпадения генотипов у двух случайно выбранных неродственных индивидов (MP) по отдельным локусам варьирует от 0,099 для *D16S539* до 0,396 для *LPL*, а вероятность дискриминации (PD, показатель, обратный MP) – от 0,900 до 0,603 соответственно. Дискриминационный потенциал по совокупности 5 маркеров изменяется от  $1,34 \times 10^{-3}$  у долган до  $1,35 \times 10^{-4}$  – у эвенков. Чтобы достичь значений MP порядка  $10^{-8}$ – $10^{-9}$ , необходимо дополнить число входящих в эту систему STR еще пятью высокополиморфными микросателлитными маркерами.

#### Заключение

1. В популяциях якутов, эвенков, юкагиров и долган определены частоты аллелей и генотипов ДНК маркеров

*D3S1358*, *D16S539*, *LPL*, *HUMvWFII* и *D8S179*.

2. Из 5 исследованных микросателлитных маркеров существенно более информативным оказался микросателлит *D16S539* для всех изученных популяций.

3. Исследованные аутосомные микросателлитные маркеры будут использованы в дальнейшем в криминалистической и судебной практике нашего региона, а именно в молекулярно-генетических анализах идентификации личности, а также при установлении кровного родства.

#### Литература

1. Барков И.Ю. Интернет-база данных для оценки частот встречаемости аллелей полиморфных локусов ДНК в российской популяции / И.Ю. Барков [и др.] // Медицинская генетика.-2005.-Т4,№4-С155.
2. Григорьева Л.В. VNTR –полиморфизм интрона 4 гена эндотелиальной синтазы оксида азота и анализ ассоциаций с инфарктом миокарда в якутской популяции / Л.В. Григорьева [и др.]. // Там же. - 2006.- №11.-С.43-46.
3. Животовский Л.А. ДНК-маркеры в судебно-медицинской экспертизе: необходимость создания российской базы популяционных данных по «судебным» ДНК-маркерам / Л.А. Животовский // Там же.-2005.-Т4,№4.-С187.
4. Пузырев В.П. Генофонд якутов по линиям митохондриальной ДНК и Y- хромосомы / В.П. Пузырев [и др.] // Генетика.-2003. -Т.39. -С.975-981.
5. Федорова С.А. Анализ линий митохондриальной ДНК в популяции якутов / С.А. Федорова [и др.] // Молекулярная биология.-2003. -Т.37. -С.643-653.
6. Хитринская И.Ю. Генетическое своеобразие населения Якутии по данным аутосомных локусов / Хитринская И.Ю. [и др.] // Там же. -2003. -Т.37. -С.234-239.
7. Budowle B. CODIS STR loci data from 41 sample population / Budowle B. [et al.] // J.Forens. Sci.-2001.-V.46.-P.453-489.
8. Hammond H.A. Evaluation of 13 short tandem repeat loci for use personal identification application / H.A. Hammond [et al.]// Amer.J.hum.Genet.-1994.-Vol.55.-P.175-189.
9. Tautz D. Notes on the definition and nomenclature of tandemly repetitive DNA sequences / D. Tautz [et al.] // DNA Fingerprinting: State of the Science. – Basel, Switzerland, 1993.-P.21-28.
10. Pakendorf B. Stoneking M.2-2. Y-chromosomal evidence for a strong reduction in male population size of Yakuts / B. Pakendorf [et al.] // Human Genetics. -2006.-V.110.-P.198-200.
11. Shimada J. Kurdich population data for 11 STR loci (ACTBP2, CSF1PO,FGA, TH01, TROX,vWA, D3S1358, D5S818, D7S820, D13S317 and D21S11) / Shimada J. [et al.] // Int.J.Legal.Med.-2002.-V.116.-P.301-303.