

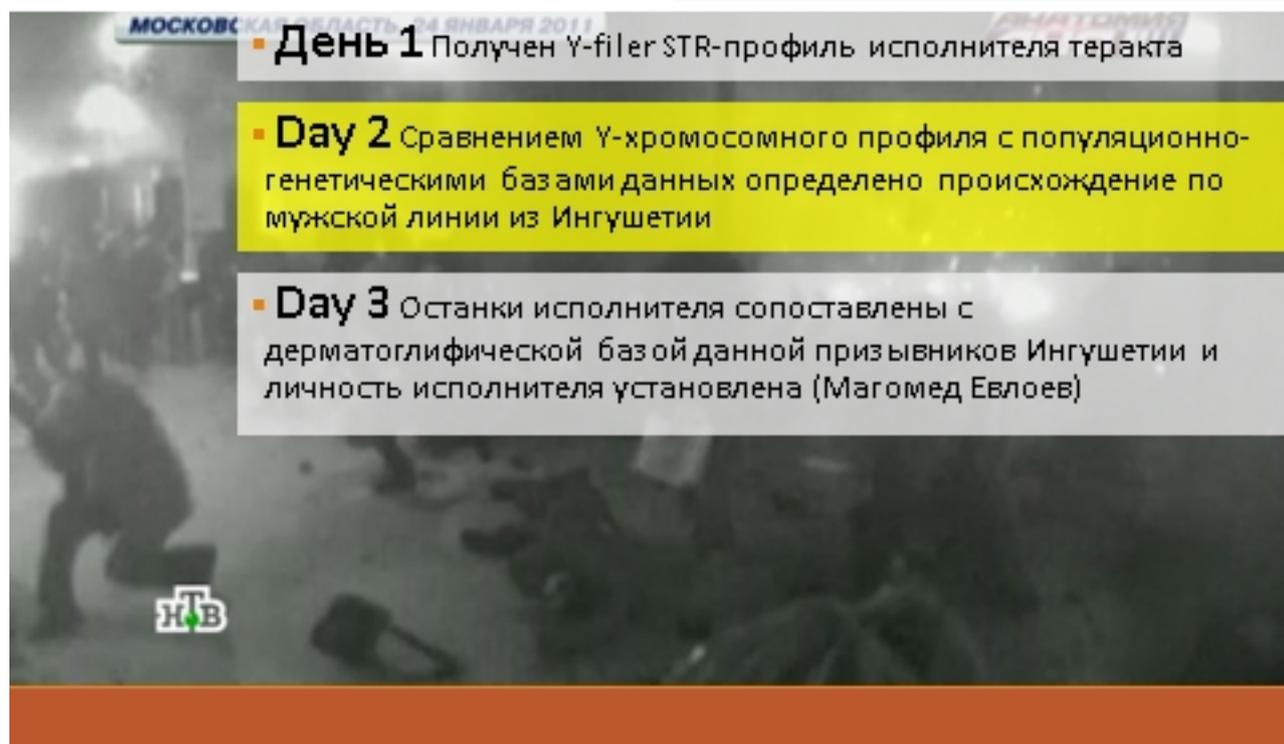
Геномная география народонаселения и решение задач криминалистики

10-11 сентября в Москве прошла конференция «Методы судебной генетики-2018», организованная Российской инновационной биотехнологической компанией «ГОРДИЗ». На этой конференции д.б.н., проф. РАН Олег Павлович Балановский, зав. лабораторией геномной географии ИОГен РАН, выступил с пленарным докладом «Геномная география народонаселения и решение задач криминалистики». Приводим здесь основные слайды из презентации его доклада с краткими комментариями.

В 2011 году специалисты лаборатории геногеографии продемонстрировали пример успешного сотрудничества с криминалистами. Они определили гаплотип Y-хромосомы исполнителя теракта в Домодедово, который оказался распространен только в Ингушетии. Это подсказало следственным органам место рождения преступника и помогло быстро установить его личность.

Террористический акт в аэропорту «Домодедово»

24 января 2011



МОСКОВСКАЯ ОБЛАСТЬ 24 ЯНВАРЯ 2011

- **День 1** Получен Y-filer STR-профиль исполнителя теракта
- **Day 2** Сравнением Y-хромосомного профиля с популяционно-генетическими базами данных определено происхождение по мужской линии из Ингушетии
- **Day 3** Останки исполнителя сопоставлены с дерматоглифической базой данной призывников Ингушетии и личность исполнителя установлена (Магомед Евлоев)

НТВ

Y-filer гаплотип исполнителя теракта

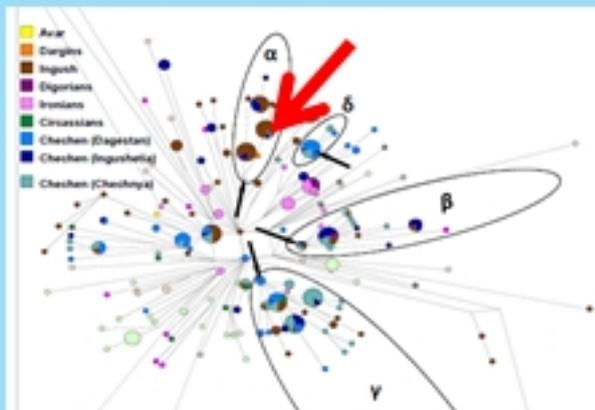
DYS389I	DYS389II	DYS390	DYS456	DYS19	DYS385a	DYS385b	DYS458	DYS437	DYS438	DYS448	GATA_H4	DYS391	DYS392	DYS393	DYS439	DYS635
#	#	#	#	#	#	#	#	#	#	#	#	#	#	#	#	#

Гаплогруппа

J2

Филогенетическая сеть гаплогруппы J2

(Balapanov et al., 2011)



Y-гаплотип террориста относится к гаплогруппе J2.

Эта гаплогруппа распространена широко, но в том же самом 2011 году мы детально изучали эту гаплогруппу, и гаплотип исполнителя попал в кластер, обнаруженный только в популяциях Ингушетии.

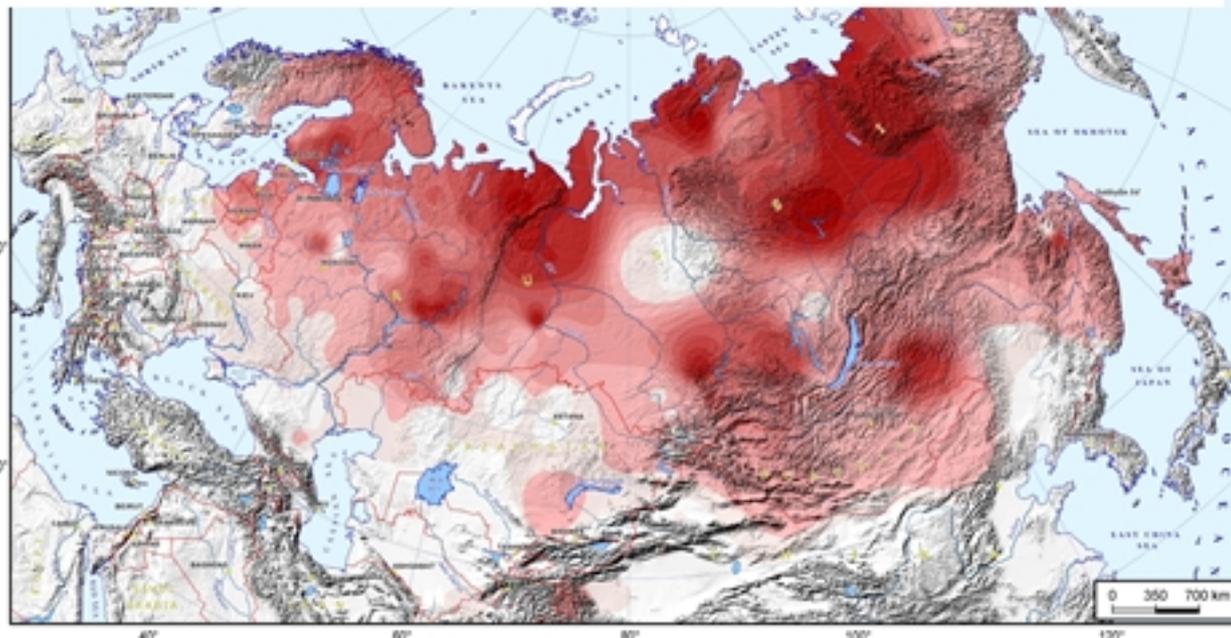
Анализ ДНК «домодедовского террориста» был проведен на оборудовании международного проекта «Генографик» и в стенах МГНЦ РАМН.

С 2012 года начались регулярные (практически ежемесячные) запросы от криминалистических лабораторий Следственного комитета и МВД с просьбами определить вероятное происхождение образца ДНК с места преступления.

Определение только гаплогруппы Y-хромосомы обычно неинформативно для розыскных действий, так, например, гаплогруппа N распространена по всей России.

Гаплогруппа N

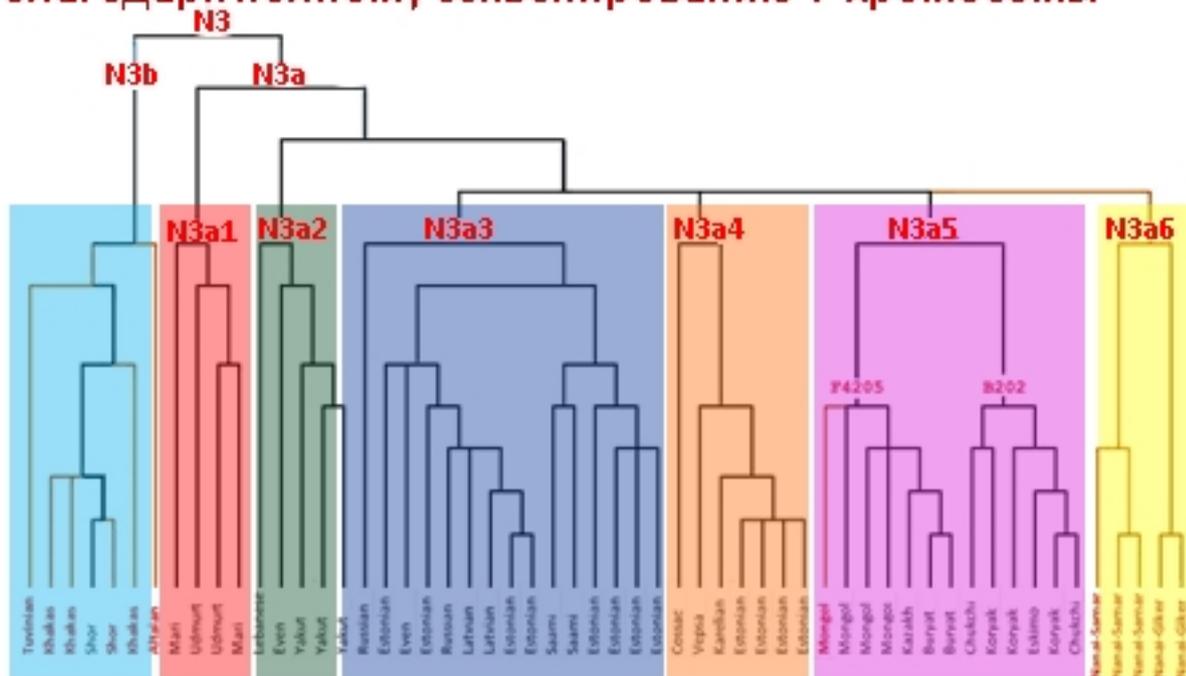
распространена по всей России, поэтому эта информация неинформативна для розыскных действий.



Но гаплогруппа N делится на ветви, которые распространены в отдельных регионах, и определение ветвей значительно повышает информативность.

Гаплогруппа N **делится на ветви**

благодаря полному секвенированию Y-хромосомы



Пумае et al., 2016 AJHG

В лаборатории геногеографии разработана методология подразделения гаплогрупп на ветви.

Методология подразделения гаплогрупп

- Шаг 1) Секвенирование и построение филогенетического дерева.



- Шаг 2) Выявление информативных ветвей и выбор SNP, определяющих эти ветви.



- Шаг 3) Генотипирование выбранных SNPs во многих популяциях чтобы получить частоты каждой ветви в каждой популяции.



- Шаг 4) Построение карт распространения каждой ветви (карта частот встречаемости)

- Шаг 5) Оценка возраста ветвей, определение мест их происхождения, разработка модели истории данной гаплогруппы.

Результатами такого анализа являются: филогенетическое дерево гаплогруппы и карты распространения ветвей.

- **Биобанк создается с 1998 года**
- **Опубликован в научной статье в 2016 году**
- **Зарегистрирован как автономная некоммерческая организация в 2017 году**

ОБЗОРНЫЕ
И ТЕОРЕТИЧЕСКИЕ СТАТЬИ

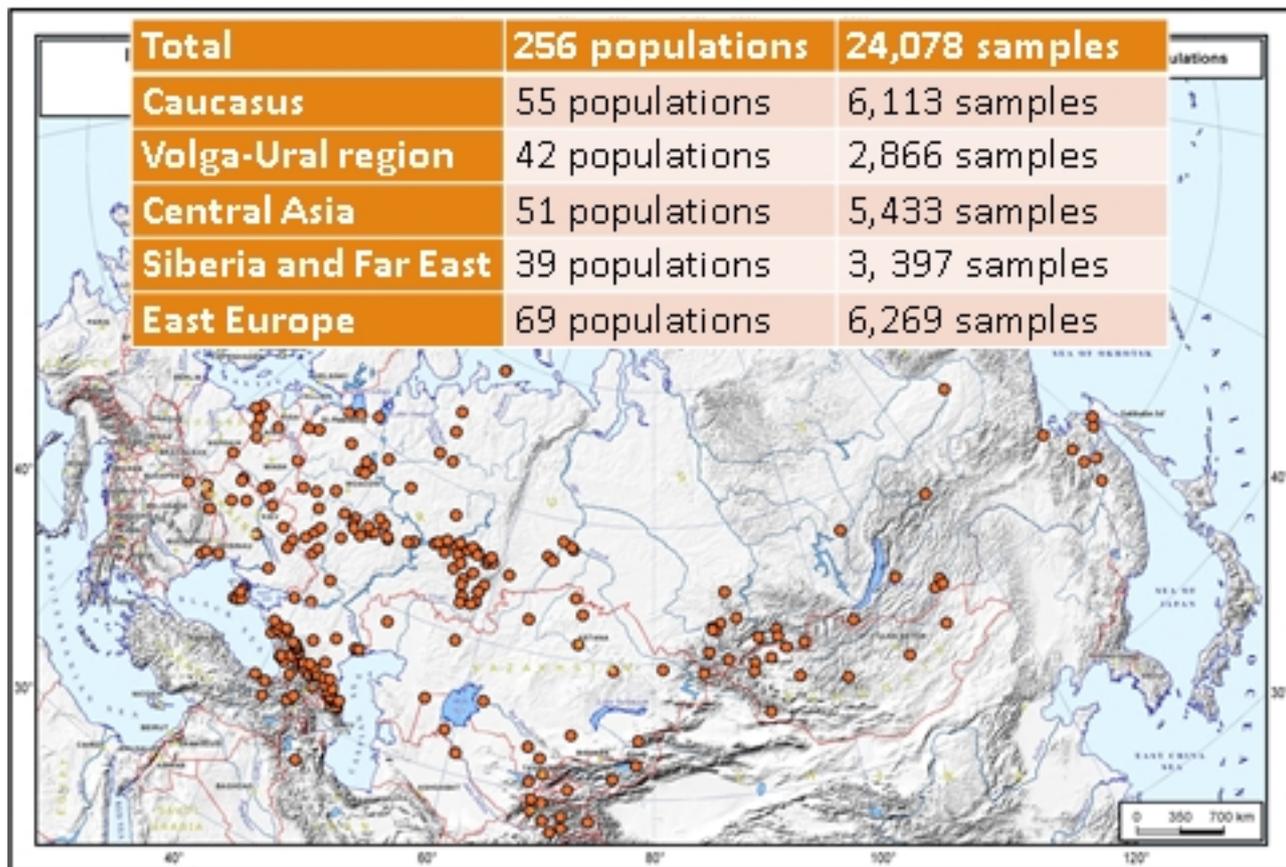
УДК 541.11

**ПОПУЛЯЦИОННЫЕ БИОБАНКИ: ПРИНЦИПЫ ОРГАНИЗАЦИИ
И ПЕРСПЕКТИВЫ ПРИМЕНЕНИЯ В ГЕНОГЕОГРАФИИ
И ПЕРСОНАЛИЗИРОВАННОЙ МЕДИЦИНЕ**

© 2016 г. Е. В. Балановская¹, М. К. Жабигин², А. Т. Агджоян^{1,3}, М. И. Чухриева^{1,3},
Н. В. Маркина¹, О. А. Балаганская¹, Р. А. Схалыхо^{1,3}, Ю. М. Юсунов⁴, О. М. Утевская⁵,
Ю. В. Богунов⁵, Р. Р. Асылгужин⁴, Д. О. Долинина⁶, Ж. А. Кагазежева⁷, Л. Д. Дамба⁸,
В. В. Запорожченко^{1,3}, А. Г. Романов¹, Х. Д. Дибирова^{1,3}, М. А. Кузнецова¹,
М. Б. Лавряшина⁶, Э. А. Почешхова⁷, О. П. Балановский^{1,3,*}

Выборки образцов из популяций коренных народов собираются по строгим критериям. В нее включаются только те индивиды, все предки которых на глубину трех поколений (бабушки и дедушки) проживали в данной местности и относили себя к данной популяции. Обязательно составляется родословная и информированное согласие.

ОБЪЕМ И ОХВАТ БИОБАНКА



Биобанк Северной Евразии открыт для сотрудничества.

Биобанк Северной Евразии открыт для сотрудничества!

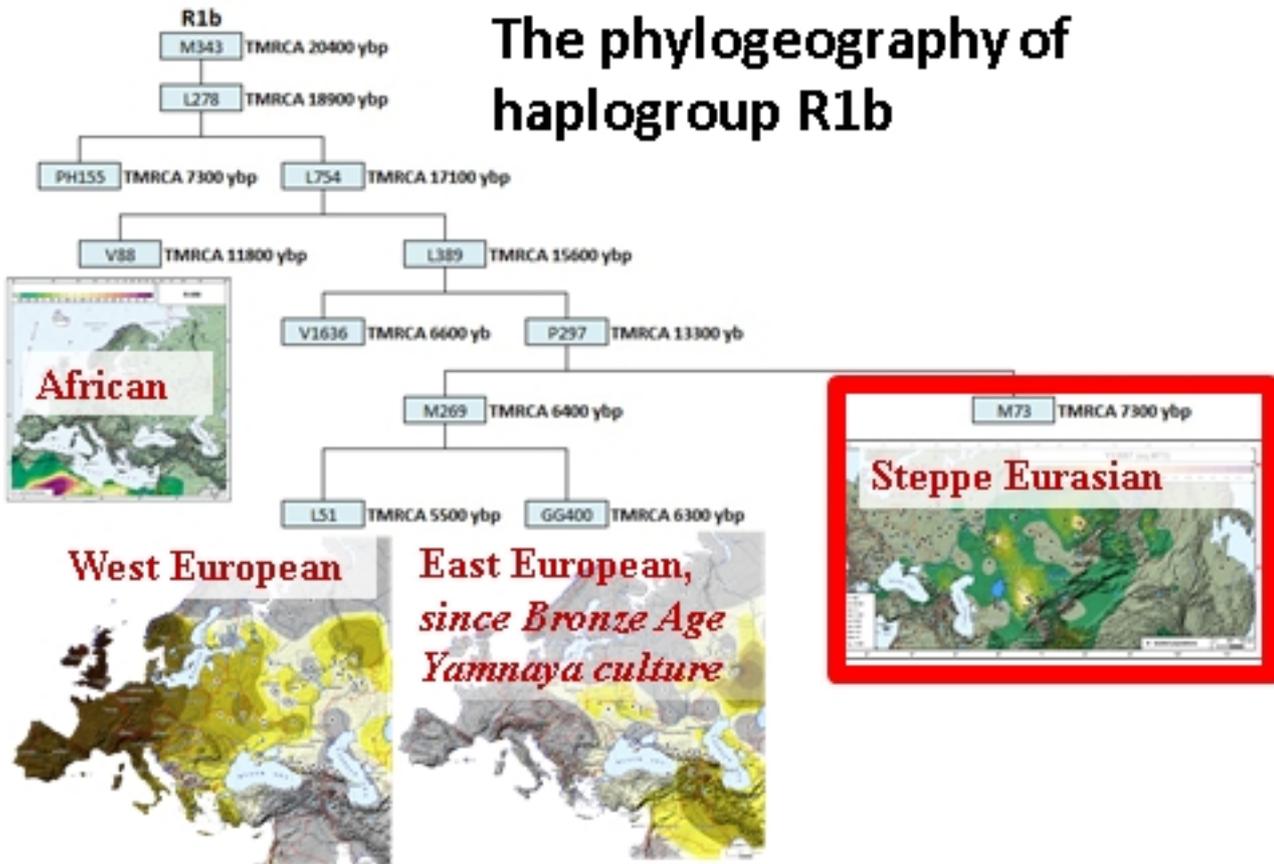
- Выдаем образцы для проектов анализа генофонда
- Выдаем образцы для контрольных выборок
- Проводим на заказ скрининг ключевых SNP
- Принимаем образцы на хранение

Сайт: биобанк.рф



Примеры исследования филогеографии нескольких гаплогрупп.

The phylogeography of haplogroup R1b



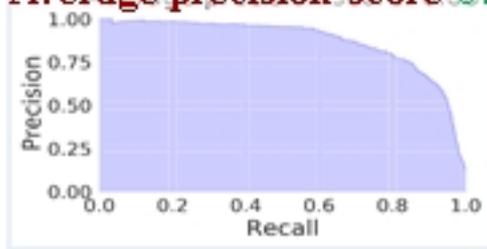
Balanovsky et al., 2017b; Zhabagin et al, in prep.

Генотипирование по аутосомным маркерам может включать маркеры, информативные для определения происхождения индивида по его ДНК. Здесь сравниваются две панели SNP маркеров: одна — используемая в криминалистике, другая — используемая для полногеномного генотипирования.

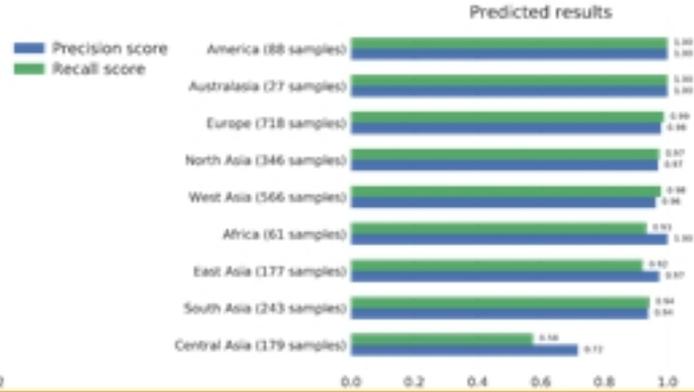
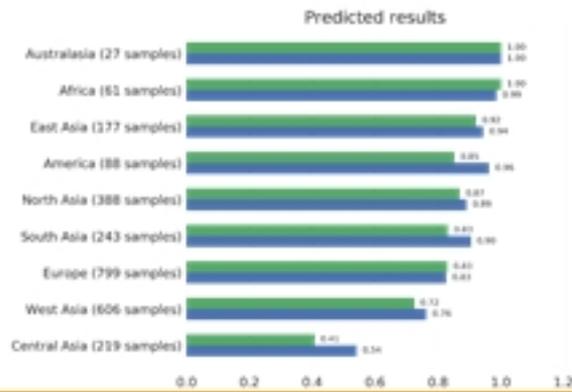
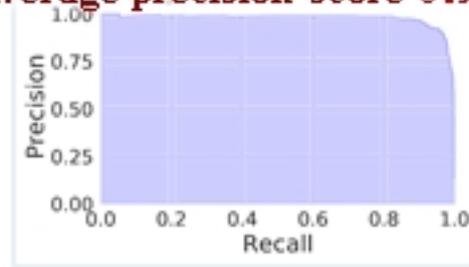
Происхождение по **аутосомным** маркерам

- Forensic panel **165** SNPs
- Genome-wide panel **165,000** SNPs

Average precision score **0.88**



Average precision score **0.98**



More details on the Poster 18

Определение происхождения индивида может быть проведено по его собственному желанию – этим занимается генетическая генеалогия, или против его желания – тогда это задача криминалистики.



Принцип: сравнение ДНК одного образца с характеристиками всех популяций мира.

Вопрос о маркерах

Вопрос о точности

Вопрос о надежности

Вопрос о полноте баз данных

Подходы к определению происхождения индивида по его ДНК разрабатывались, начиная с 2008 года, когда было показано, что генетическое разнообразие в Европе удивительно точно ложится на географическую карту.

Точность определения происхождения: Континент? Территория? Деревня?

Существующие криминалистические наборы включают около 100 SNP и достаточно хорошо определяют континент происхождения (металопульцию)

100 SNP –
континент

Поэтому в Программе «ДНК-идентификация» для определения этногеографического происхождения генотируются 7 тысяч тщательно отбираемых SNP, позволяющих определять территорию происхождения внутри континента (группу популяций). Размер территории зависит от степени уникальности образца и ареала его популяции происхождения.

7 000 SNP
территория
внутри
континента

Подробный генотип (сотни тысяч SNP) обычно позволяет определить происхождение вплоть до административного региона или этнической группы (популяции), но требует дорогостоящего генотипирования и более 100 нанограммов ДНК.

1 000 000 SNP –
Регион внутри
страны

С 2017 года лаборатория геногеографии ведет работу по Программе Союзного государства «ДНК-идентификация». Одна из задач Программы – разработка технологии определения вероятного этнографического происхождения индивида по его ДНК.

Мероприятие 3

Программы Союзного государства «ДНК-идентификация»

Целью мероприятия является разработка инновационной комплексной геногеографической технологии, позволяющей определить по характеристике ДНК наиболее вероятное этногеографическое происхождение неизвестного индивида - носителя этой ДНК.

Цель - технология

Технология определения наиболее вероятного этногеографического происхождения индивида по его ДНК должна быть реализована в виде разрабатываемой в рамках мероприятия 3 прикладной компьютерной программы определения геногеографического происхождения.

Технология =
= компьютерная программа

Итоговая информация должна представляться в виде картографических решений, то есть в виде географических карт с указанием на них территорий наиболее вероятного, менее вероятного происхождения и маловероятного происхождения искомого индивида. Одновременно технология должна обеспечить получение информации о происхождении индивида как отдельно по отцовской генеалогической линии, так и по всем генеалогическим линиям суммарно.

Программа
выдает две
карты:
Y-хромосомы
и аутосом

В учебно-методическую программу Союзного государства «Разработка инновационной геногеографической и геномной технологий идентификации личности и персональной безопасности человека на основе данных географического региона Союзного государства (Y-ДНК-идентификация)», утвержденная постановлением Совета Министров Союзного государства от 16 июля 2017 г. № 26

Как будет работать эта технология, показано на схеме.

Как будет работать итог Мероприятия 3



Как будет работать вся система



Важно – итоговые карты указывают на происхождение человека, то есть место жительства его предков, а не его самого.