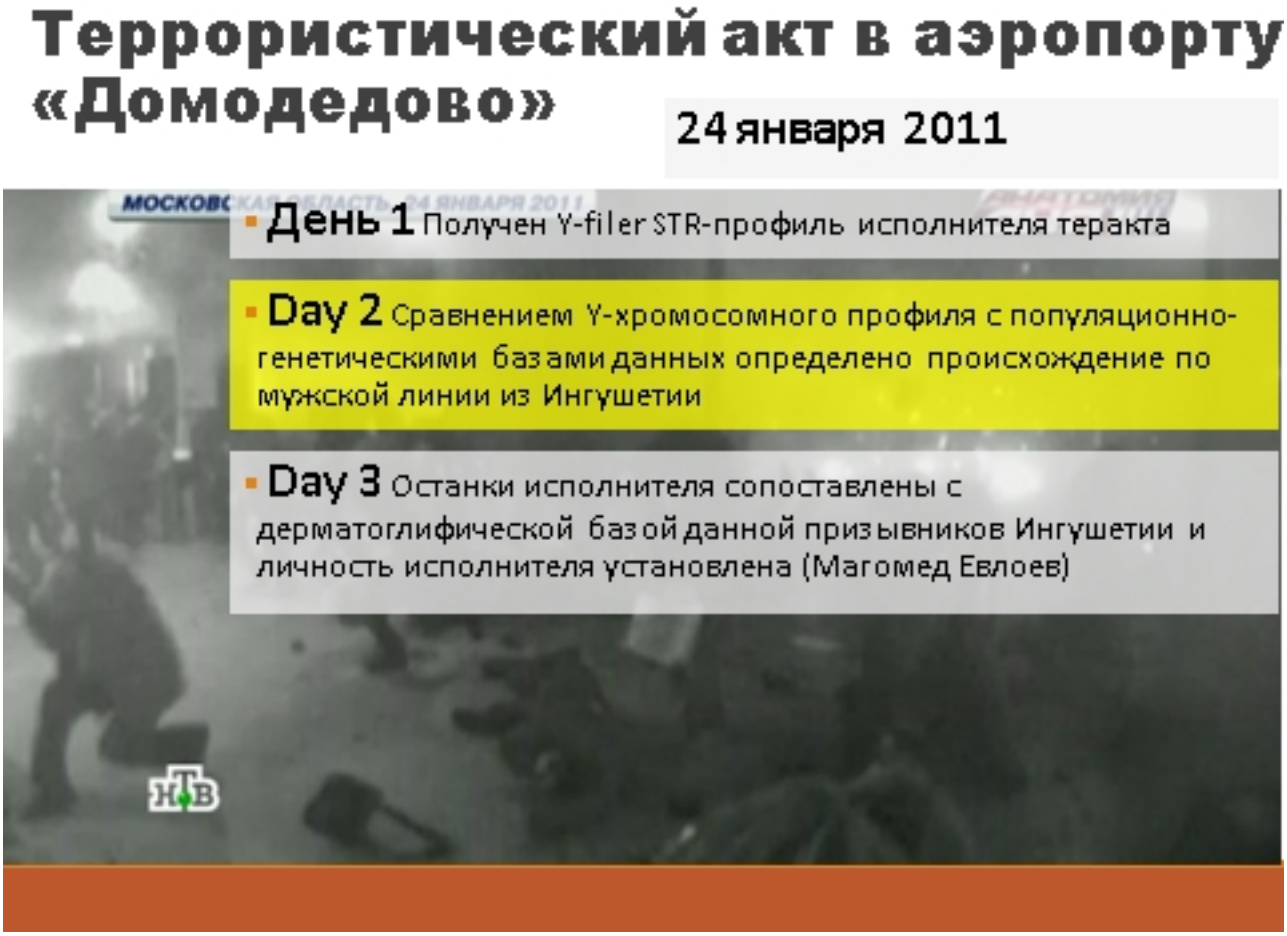
# Геномная география народонаселения и решение задач криминалистики

**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.

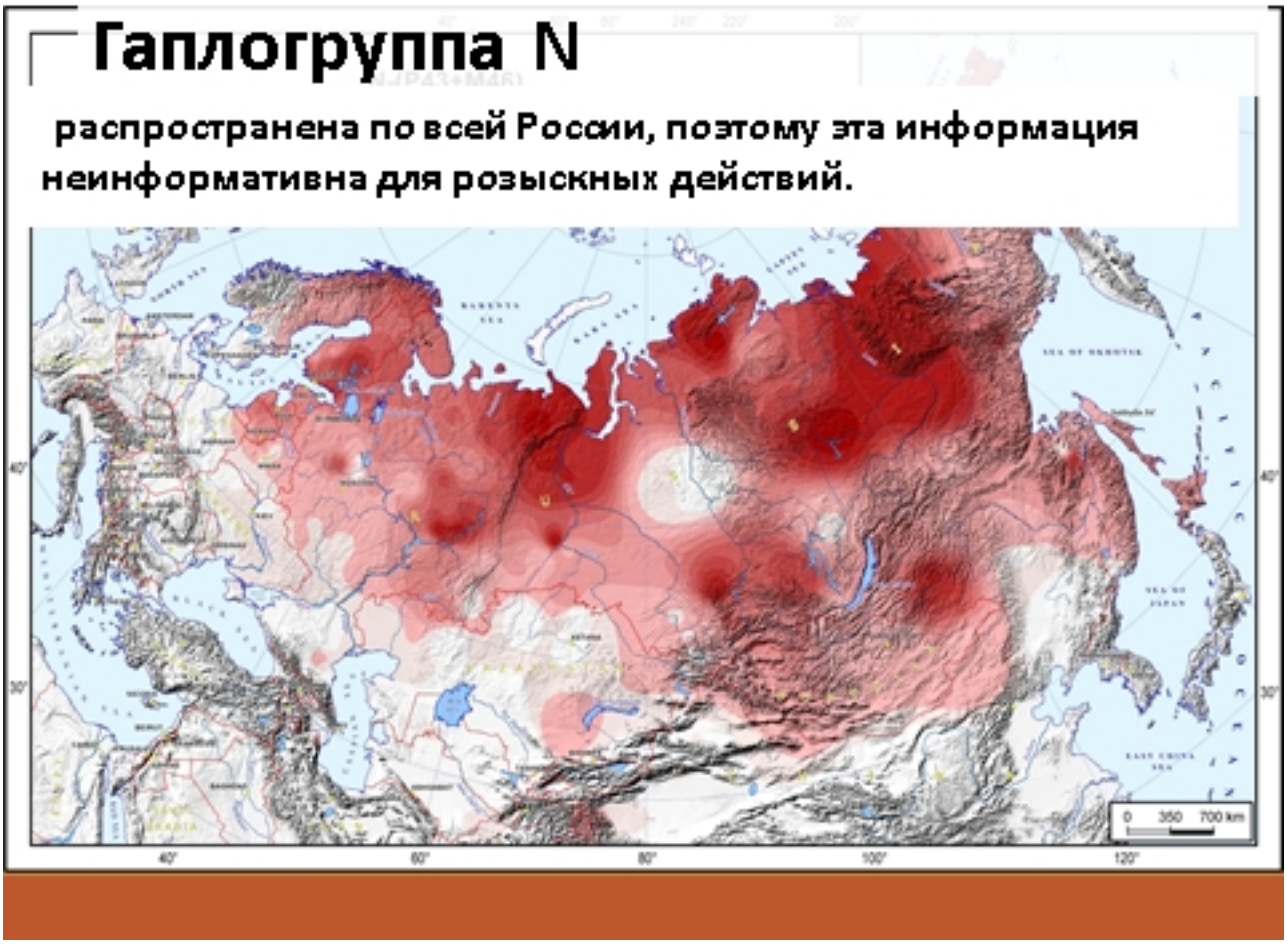




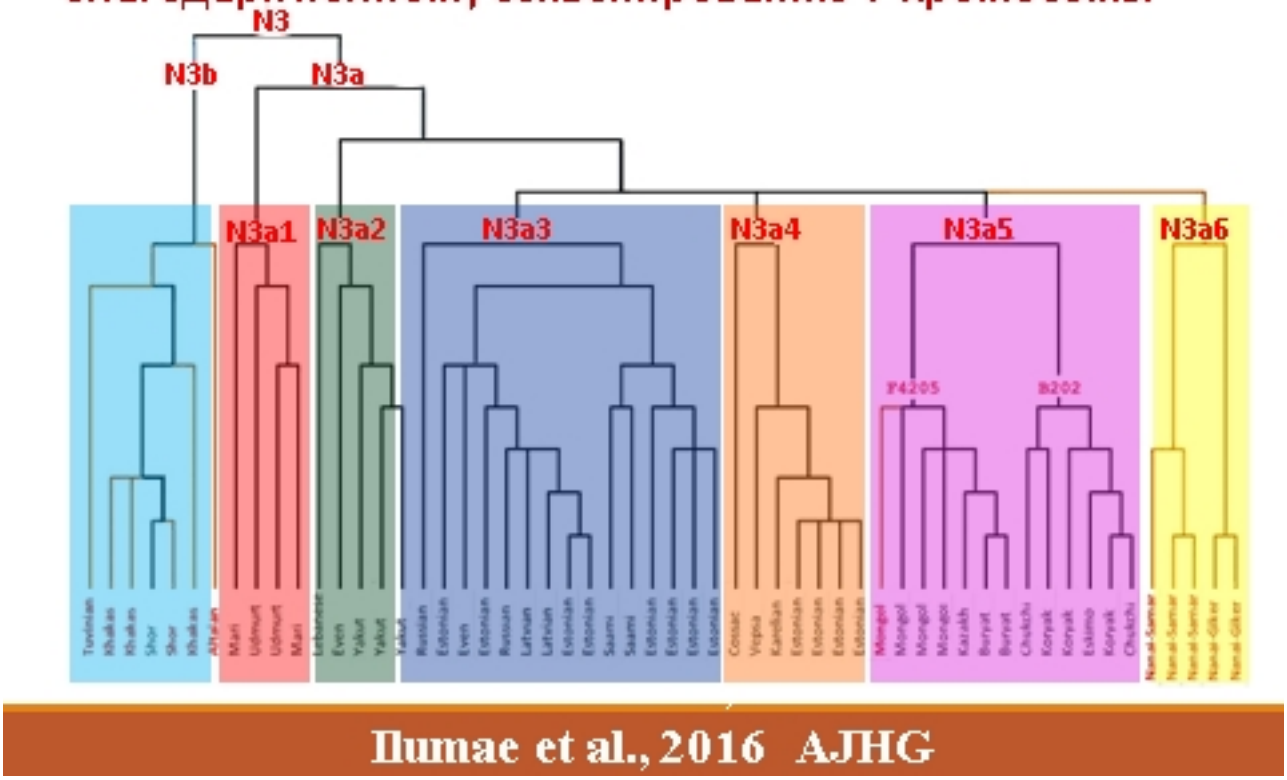

Анализ ДНК «домодедовского террориста» был проведен на оборудовании международного проекта «Геногафик» и в стенах МГНЦ РАМН.

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.




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




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.




Фундаментальный и наиболее трудоемкий этап популяционного исследования – это создание биобанка. В лаборатории геногеографии как итог двадцатилетней работы создан Биобанк Северной Евразии. В 2017 году он зарегистрирован как автономная некоммерческая организация.

БИОБАНК НАРОДОНАСЕЛЕНИЯ СЕВЕРНОЙ ЕВРАЗИИ
www.биобанк.рф

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

ОБЗОРНЫЕ
И ТЕОРЕТИЧЕСКИЕ СТАТЬИ

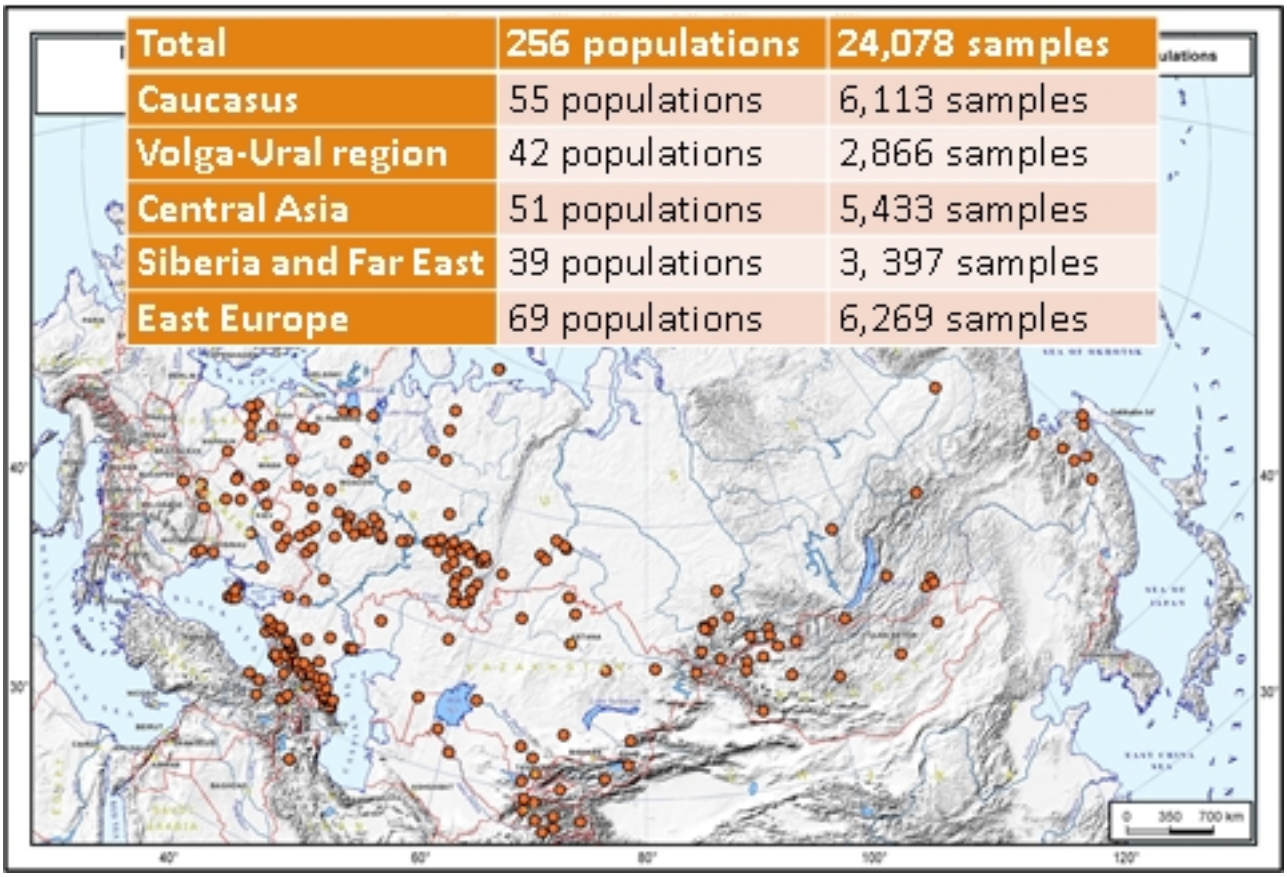
УДК 541.11

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

© 2016 г. Е. В. Балановская[1], М. К. Жабагин[2], А. Т. Агджоян[1, 3], М. И. Чухряева[1, 3], Н. В. Маркина[1], О. А. Балаганская[1], Р. А. Схаляхо[1, 3], Ю. М. Юсупов[4], О. М. Утевская[5], Ю. В. Богунов[1], Р. Р. Асылгужин[4], Д. О. Долинина[6], Ж. А. Кагазежева[7], Л. Д. Дамба[8], В. В. Запорожченко[1, 3], А. Г. Романов[1], Х. Д. Дибирова[1, 3], М. А. Кузнецова[1], М. Б. Лавряшина[6], Э. А. Почешхова[7], 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.



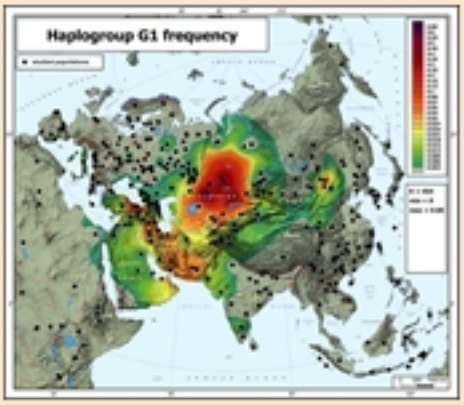

Примеры исследования филогеографии нескольких гаплогрупп.

# The phylogeography of haplogroup G1-M285

- Step 1) We sequenced ~11 Mb of the Y-chromosome in 18 samples and generated the tree




- Step 2) The phylogeographic pattern might reflect initial migration from West Asia and then founder effects in the Eurasian steppe







Balanovsky et al., 2015

More details on the Poster 42

# The phylogeography of haplogroup Q3-L275

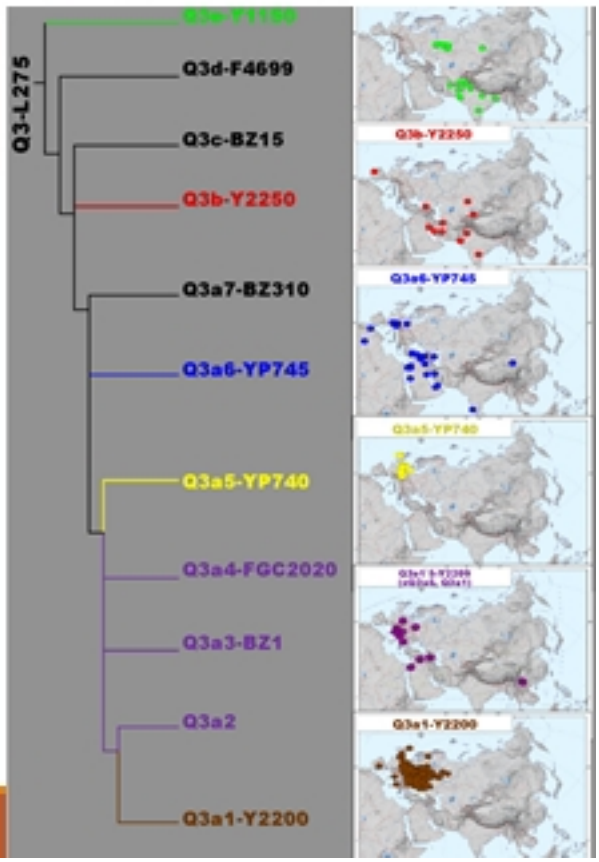
- Step 1) We sequenced ~11 Mb of the Y-chromosome in 47 samples and generated the tree

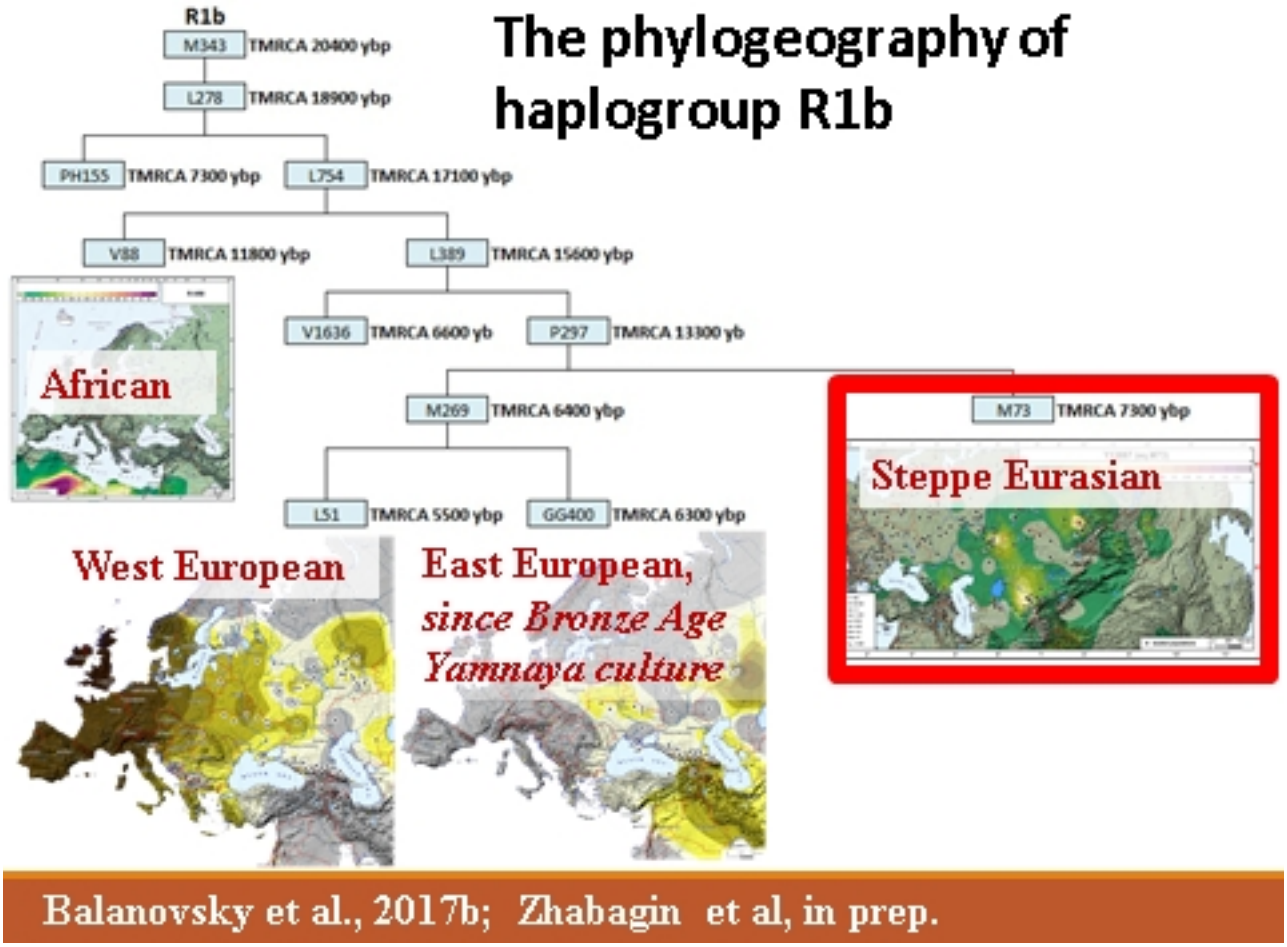
**The reconstructed history of hg Q3:**

- In Neolithic, Q3 gave rise to five branches, which spread across West, Central and parts of South Asia.
- In Bronze Age, the Q3a branch underwent a rapid expansion, splitting into seven subbranches, some of which entered Europe.
- One of these subbranches, Q3a1, was acquired by a population ancestral to Ashkenazi Jews and grew within this population during the first millennium AD.

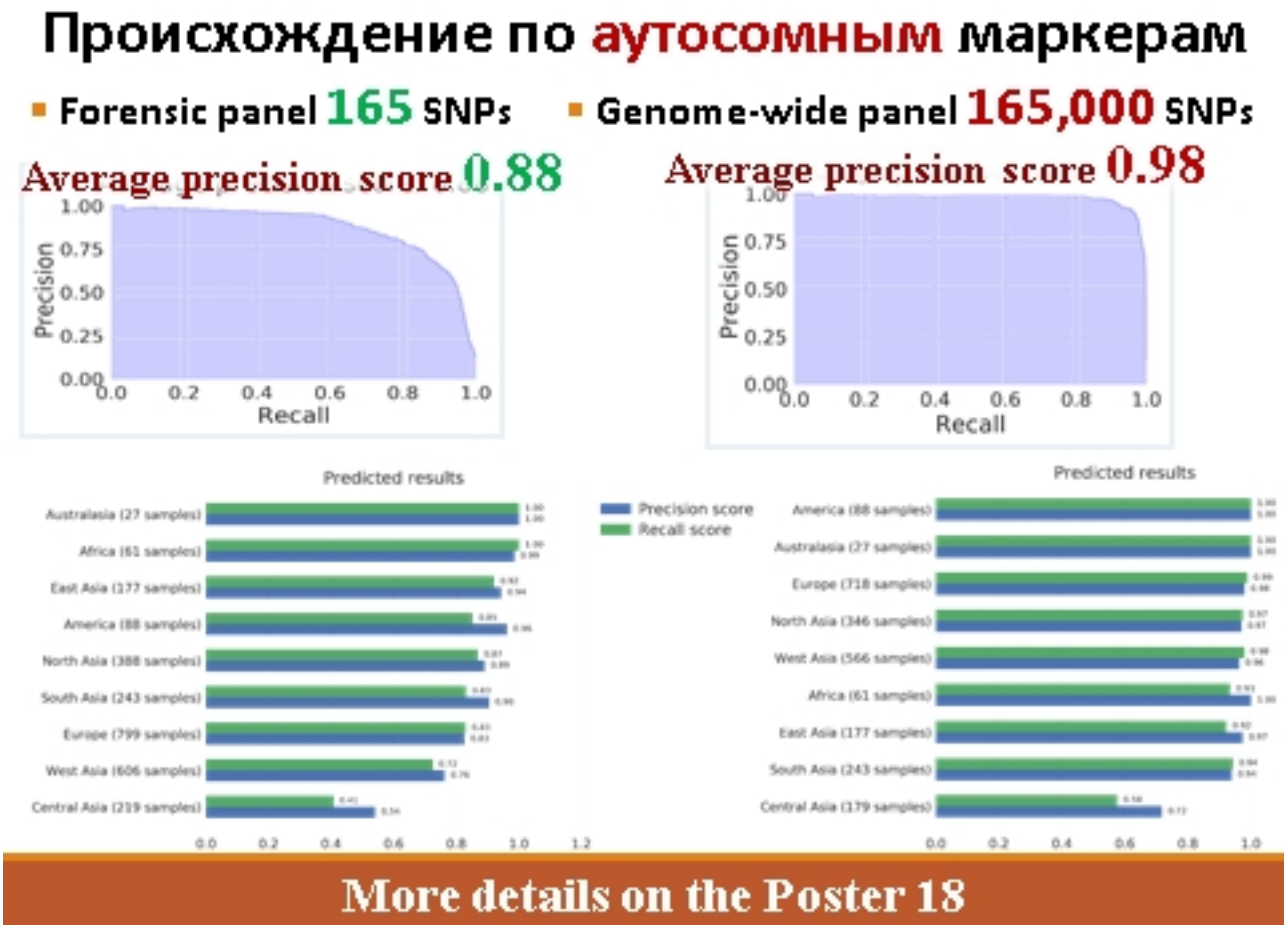
Balanovsky et al., 2017a

- Step 2) screening in genetic genealogy projects






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.




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.

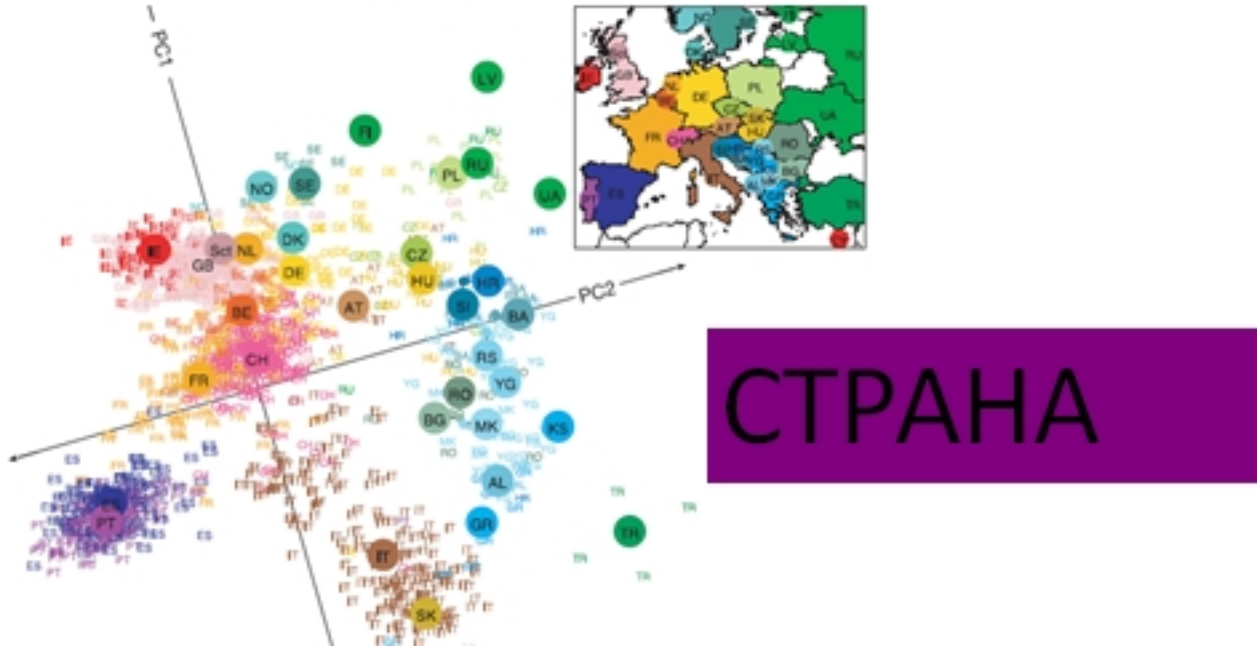
# ТЕОРИЯ

## ОПРЕДЕЛЕНИЯ ПРОИСХОЖДЕНИЯ ИНДИВИДА

**Genes mirror geography within Europe**

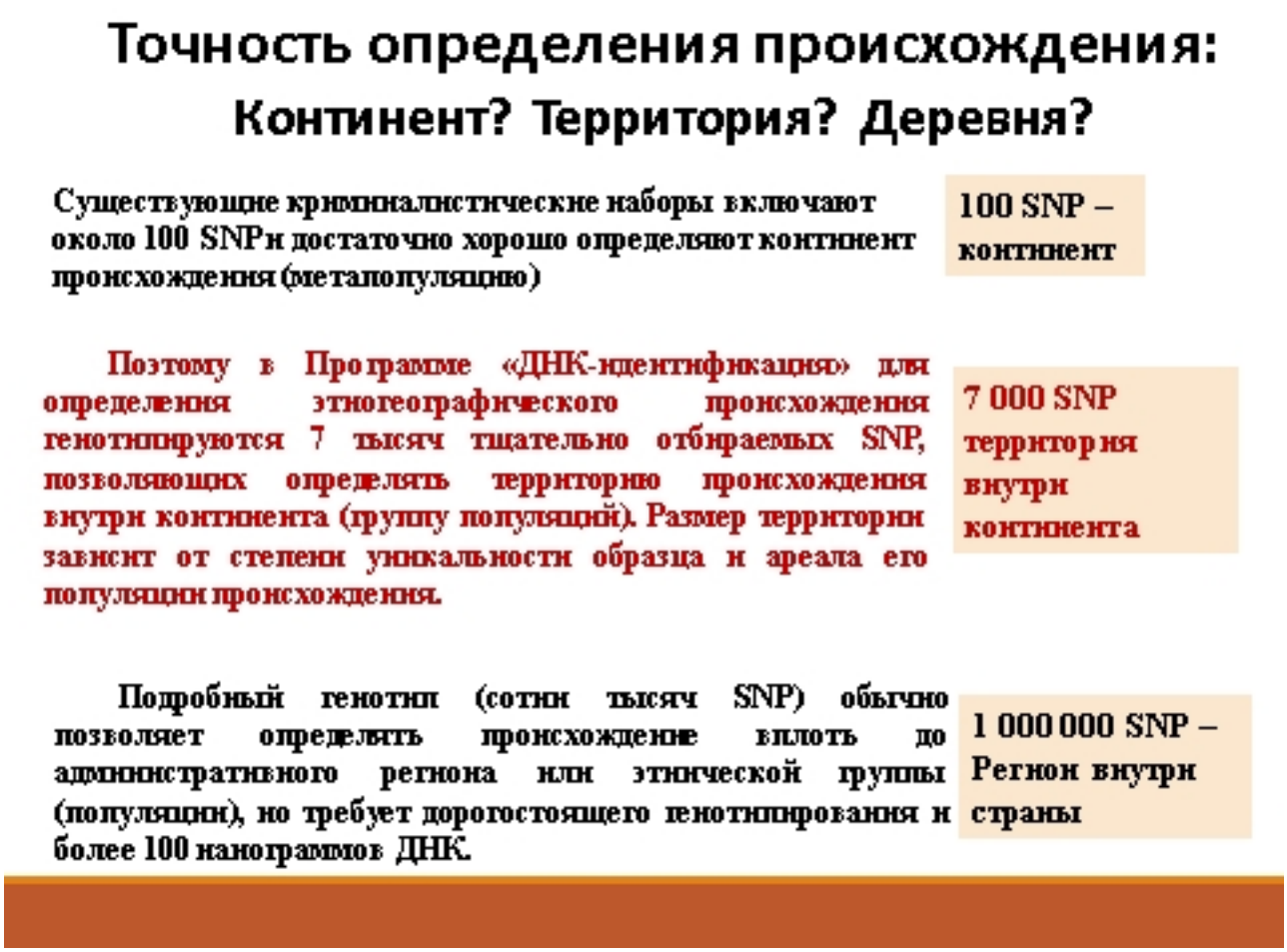
NOVEMBRE ET AL., 2008

John Novembre[1,2], Toby Johnson[4,5,6], Katarzyna Bryc[7], Zoltán Kutalik[4,6], Adam R. Boyko[7], Adam Auton[7], Amit Indap[7], Karen S. King[8], Sven Bergmann[4,6], Matthew R. Nelson[8], Matthew Stephens[2,3] & Carlos D. Bustamante[7]




СТРАНА

Точность определения происхождения зависит от количества используемых маркеров.




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 искомых индивидов. 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**

Научно-техническая программа Союзного государства «Разработка инновационных геногеографических и геномных технологий идентификации личности и индивидуальных особенностей человека на основе изучения генофондов регионов Союзного государства» («ДНК-идентификация») утверждена постановлением Совета Министров Союзного государства от 16 июня 2017 г. № 26

Как будет работать эта технология, показано на схеме.







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