

16

Международная
Пушинская
школа-конференция
молодых ученых

СБОРНИК
ТЕЗИСОВ



БИОЛОГИЯ

Наука XXI века

Спонсоры и партнеры:

 СИНТЕЗБИТХИМ

РУСБИОЛИНК 

ОКА  biolab

ОПТЭК
Объединяя решения

 ДИАМ
современная лаборатория

ОКА
НЫРЯЙ
В ЗДОРОВЬЕ!

ЗНАЧЕНИЕ РАСЧЕТА ОБЩЕГО ПРЕДКА ПО МУЖСКОЙ ЛИНИИ ДЛЯ РЕШЕНИЯ ЗАДАЧ СУДЕБНО ГЕНЕТИЧЕСКОЙ ЭКСПЕРТИЗЫ

**Курганов С.К., Ахмедова Д.Ш., Икрамов А.А., Рахматуллаев Н.Н.,
Норматов Э.А., Филатова В.А., Мухамедова С.Ю., Тошева Д.М.**
Республиканский центр судебной экспертизы им. Х.С. Сулеймановой,
Ташкент
(Узбекистан)

kurganov_sardor@yahoo.com

В практике судебной генетической экспертизы бывают случаи, когда биологический след на вещественных доказательствах оставлен неизвестным лицом мужского пола. В подобных случаях наряду с определением генотипа неизвестного лица по STR-локусам ядерной ДНК проводят исследования по Y-хромосоме. В большинстве случаев эти исследования приводят к успешному раскрытию преступления. Но иногда, несмотря на большое число исследованных образцов, подозреваемого невозможно идентифицировать. В большинстве таких случаев исследуют образцы ДНК лиц, проживающих в одной и той же местности. В настоящее время для сужения круга подозреваемых проводят расчет времени жизни общего предка, с помощью которого можно получить информацию о родственной близости и сузить круг подозреваемых лиц. Также эти данные позволяют получить полезную информацию для популяционных генетиков, лингвистов и историков.

Время жизни общего предка популяции вычисляется по совокупности гаплотипов его потомков, принимая во внимание число мутаций, накопившееся в популяции, нормированное на гаплотип или маркер, и на константу скорости мутации или частоту мутации в расчете на поколение. Так же расчет времени жизни общего предка популяции позволяет делать предположения о времени и направлениях миграции популяций в древности.

Для расчета времени жизни общего предка были собраны 400 образцов крови в 6 больших роднях. Выделение ДНК проведено классическим методом фенол-хлороформной экстракции. Фрагментный анализ 17 локусов STR-маркеров (DYS389I, DYS389II, DYS390, DYS456, DYS19, DYS385a, DYS385b, DYS458, DYS437, DYS438, DYS448, GATA_H4, DYS391, DYS392, DYS393, DYS439, DYS635) проведен с использованием набора Y-filer PCR Amplification Kit (Applied Biosystems, США) на секвенаторе ABI 3130xl (Applied Biosystems, США). Статистический анализ гаплотипов проведен с помощью программы «Network 4.6». По рассчитанным показателям частоты мутаций в двух семьях установлен общий предок, объединяющий 15 поколений. В третьей и четвертой семьях установлен общий предок, объединяющий 25 поколений. И в пятой и шестой семьях установлен общий предок, объединяющий 46 и более поколений.