

HODISA SODIR BO‘LGAN JOYDAN BIOLOGIK XUSUSIYATGA EGA BO‘LGAN NAMUNALARNI IZLASH VA OLIH BILAN BOG‘LIQ BO‘LGAN O‘ZIGA XOS JIHLTLAR

Saitova Niyvora Sobirjonovna

Adliya vazirligi huzuridagi X. Sulaymonova nomidagi RSEM Sud ekspertlik ilmiy-tadqiqot institutining Sud-tibbiy, psixiatriya, psixologik va biologik ekspertizalari ilmiy tadqiqot bo‘lim boshlig‘i, 1-darajali yurist

Husanova Gulchehra Xayrulla qizi

Adliya vazirligi huzuridagi X.Sulaymonova nomidagi RSEM Odam DNKsi sud-biologik ekspertizasi laboratoriyasi eksperti

Ma‘lumki, mamlakatimizning rivojlanish strategiyalardan biri, bu odil sudlovni ta‘minlash hisoblanadi. Bunda esa albatta protsessual ishtirokchilar bilan bir qatorda kriminalistlarning o‘rni ham katta ahamiyat kasb etadi. Kriminalistikada qo‘llaniladigan asosiy yo‘nalishlarga biologiya, kimyo va tibbiyot, xatto fizika, informatika, geologiya va psixologiya kabi yo‘nalishlar ham kirishi mumkin. Uning uzviy qismlaridan biri bu sud-biologiyadir.

Har qanday tadqiqot natijasi yaxshi chiqishi yoki chiqmasligi avvalom bor ushbu namunalarni izlab topa olish, ularni to‘g‘ri qadoqlab tekshiruv laboratoriyalari etkazib berish bilan bog‘liqdir. Ya‘ni hodisa sodir bo‘lgan joy to‘g‘ri tahlil etilishi lozim.

Hodisa sodir bo‘lgan joyni tahlil qilish keyingi tekshirish va taqqoslash uchun ish uchun ahamiyatli bo‘lgan dalillarni aniqlash va to‘plashni o‘z ichiga oladi. Yig‘ilgan namunalar biologik (teri, qon, sperma yoki soch kabi to‘qimalar namunalari), fizik (barmoq izlari, qobiqlar, asboblar yoki jihozlarning bo‘laklari, tolalar, yozib olingan ovozli xabarlar yoki kompyuter disklari) va xatto kimyoviy (bo‘yoq, kosmetika, erituvchilar yoki tuproq) bo‘lishi mumkin. Ko‘pincha hodisa sodir bo‘lgan joyda to‘plangan dalillar keyinchalik ma‘lum bir sohada ixtisoslashgan tadqiqotchilar tomonidan sud-biologiya laboratoriyasida qayta o‘rganiladi.

Ammo, amaliyotda ko‘pincha hodisa sodir bo‘lgan joyda tahlillarni o‘tkazish uchun ko‘proq mutaxassislar jalb qilinadi. Hodisa sodir bo‘lgan joyda ko‘p odamlarning bo‘lishi dalillarga kontaminatsiyani, yani ish uchun ahamiyatsiz, aloqasi bo‘lmagan namunalarning tushib qolishi ehtimolini oshiradi. Bularning barchasi ifloslanishning yo‘qligini ta‘minlash uchun dalillarni to‘plash, qayta ishlash va tahlil qilishda qattiq sifat nazorati o‘rnatilishini talab etadi. Misol uchun, DNK ekspertiza tekshiruvi uchun namunalar olishda, ushbu namuna oluvchining

namunasi bilan aralashib ketmasligini oldini olish maqsadida bunda mutaxassis barcha ehtiyot choralarini ko‘rishi darkor. Chunki bir parchada kimyoviy izlar yoki DNK namunasini mavjudligi jinoyat yoki baxtsiz hodisaga olib keladigan voqealar zanjirini o‘rnatishda hal qiluvchi ahamiyat kasb etishi mumkin.

Ushbu maqolada hodisa sodir bo‘lgan joyda aniqlangan biologik namunalar bilan ishlashga kengroq to‘xtalib o‘tamiz.

Biologik izlar. Biologik izlar nafaqat hodisa sodir bo‘lgan joydan va o‘lgan shaxsdan, balki tirik qolgan jabrlanuvchilar va gumonlanuvchilardan ham olinadi. Biologik namunalarga qon, so‘lak dog‘lari, soch tolalari, maniy, ter-yog‘ namunalari, suyak fragmentlari kabi namunalar kiradi. Ushbu namunalarning har biridan DNK molekulasini ajratib olinishi va qiyosiy tahlil qilish uchun ishlatilishi mumkin.



1-rasm

Umuman olganda bizning tanamizning deyarli barcha hujayralarida DNK mavjud. Ammo har birimizning DNK kodimiz o‘ziga xos, individual bo‘ladi, va aynan shu o‘ziga xoslik shaxslarni aniqlash uchun ham ishlatilishi mumkin. 1980-yillarning o‘rtalarida paydo bo‘lgan DNK-daktiloskopiyasi hozirda huquqni muhofaza qilish vositasi sifatida keng qo‘llaniladi.

DNK ekspertizasi biologik namuna egasini izlab topishdagi asosiy usullardan biri hisoblanadi. Masalan, halokat yoki yong‘in qurbonlarini ko‘pincha tanib bo‘lmaydi, ammo qoldiqlarni tahlil qilish yo‘li bilan, uning DNK namunasi yoki oilasining DNK namunasi bo‘lsa, odamni shaxsiga nisbatan aniqlik kiritish mumkin bo‘ladi.



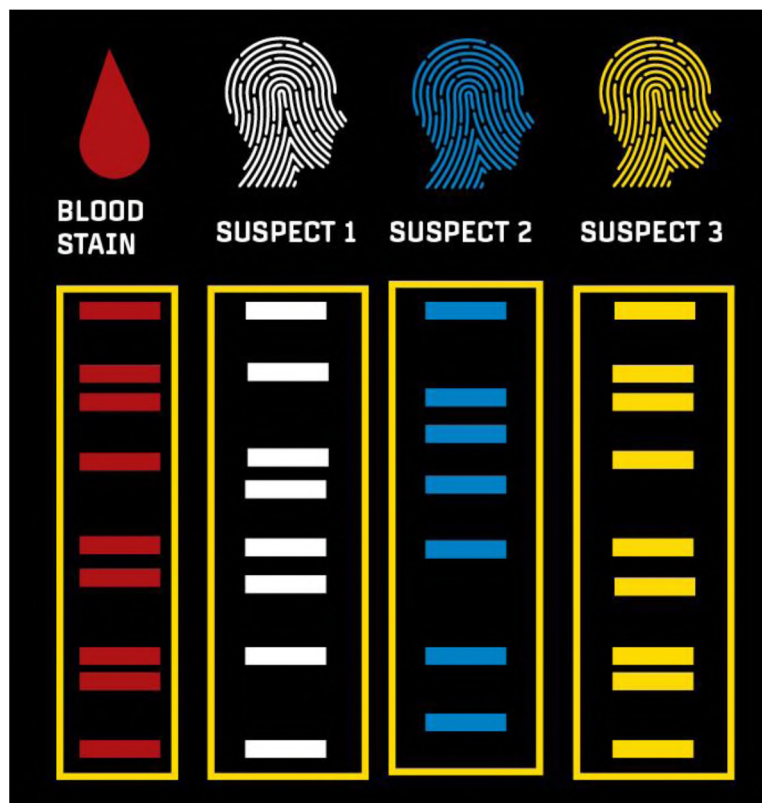
2-rasm

2-rasmda 2002-yilda Serbiya nazorati ostidagi Bosniya hududidagi Kamenitsa qishlogʻidagi ommaviy qabrda Sud-biologiya ekspertlari tomonidan topilgan odam qoldiqlarini tekshirish jarayoni aks etgan. Bunday usullar Yugoslaviya urushi qurbonlari, Jahon Savdo Markazi terror hujumi qurbonlari va 2002-yil Bali portlashi qurbonlari qoldiqlarini aniqlashda qoʻllanilgan.

Shu bilan birga hodisa sodir boʻlgan joyda aniqlangan biologik namunalar boʻyicha DNK ekspertizasini oʻtkazish yoʻli bilan ushbu namunalar kimga tegishli ekanligiga aniqlik kiritish mumkin. Bunda hodisa sodir boʻlgan joyda aniqlangan biologik namunadan DNK molekulalari yaroqliligi boʻyicha natija olingandan soʻng, ushbu namunani ekspertiza tekshiruv uchun taqdim etilgan taxmindagi shaxs biologik namunasi bilan solishtiriladi hamda moslik kuzatilganlik yoki kuzatilmaganlik boʻyicha xulosa berish mumkin boʻladi. Agarda taxmindagi shaxs qidiruvda boʻlsa, unda ushbu shaxsning yaqin qarindoshlarining biologik namunalari ekspertlik tekshiruviga taqdim etilishi mumkin. Yaʼni biologik ota-ona, farzand, aka-uka, opa-singil, dada-buvi kabi yaqin qarindoshlar namunalari taqdim etilib, hodisa sodir boʻlgan joyda topilgan namuna ekspertlik tekshiruv uchun taqdim etilgan shaxslarning qarindoshidan kelib chiqqanmi yoki yoʻqligi boʻyicha masala xal qilinadi. Ayrim xollarda tergov idorasi tomonidan taxmindagi shaxsning oʻzi boʻlmasa DNK axborotlar bazasidagi shaxslar bilan solishtirilishi boʻyicha masala ham xal qilinishi mumkin.

Taqqoslash jarayoni identifikatsiyada tekshirilgan DNK soxalarining barchasi boʻyicha 100% lik moslik kuzatilishini nazarda tutadi. Agar ikkita namunadagi tekshirilgan DNK soxalari mos kelmasa, shaxs jinoyat joyining dalillari manbai

sifatida chiqarib tashlanadi (3-rasmdagi 1- va 2-gumondorlar). Ammo agar ikkita namuna barcha tekshirilgan DNK soxalari bo'yicha mos kelsa, ushbu namunani mos kelgan shaxsdan kelib chiqqanlik haqida xulosa qilish uchun asos bo'ladi (3-rasmdagi 3-gumondor).



3-rasm

Ammo ekspertiza tekshiruvini uchun taqdim etilgan voqea joyidan olingan ushbu namunalar tegishli tartib qoidalariga rioya etilmagan bo'lsa, ish uchun katta ahamiyatga ega dalilni qo'ldan chiqarishga olib kelishi mumkin. Shunga asosan genetik identifikatsiya obyektlarini aniqlash, olib qo'yish, tashish va saqlashga tegishki bo'lgan harakatlar ma'lum qoidalarga rioya qilgan holda amalga oshirilishi kerak.

Birinchidan, obyektlar bilan noto'g'ri manipulyatsiyalarni amalga oshirish, DNKni yo'q qilishga, begona genetik material bilan ifloslanishga olib kelishi mumkin, bu esa kelajakda tadqiqot natijalariga salbiy ta'sir qiladi.

Ikkinchidan, voqea sodir bo'lgan joyda izlari qolgan inson tanasining to'qimalari va ajralmalari gepatit virusi, OITV kabi turli xildagi kasallik chaqiruvchilarni o'zida tutishi mumkin.

Ya'ni hodisa sodir bo'lgan joyda ushbu xolalardan saqlanish uchun, kriminalist mutaxassislarga bir qancha talablar qo'yiladi.

Birinchiidan, biologik xususiyatga ega izlarini qidiradigan va oladigan mutaxassis maxsus (tibbiy) kostyum, bosh kiyim, poyabzal, niqob, qo‘lqop kabi tegishli jihozlarga ega bo‘lishi kerak.

Ikkinchiidan, obyektlar bilan ishlaganda gaplashmaslik, yo‘talmaslik kerak.

Uchinchiidan, ish jarayonida bir martali ishlatiladigan asboblardan foydalanish yoki asboblarni har bir obyektidan keyin ehtiyotkorlik bilan spirt bilan tozalash kerak.

To‘rtinchiidan, hodisa sodir bo‘lgan joyda biologik xususiyatga ega izlarini aniqlash yoritgichli lupa, biologik xususiyatga ega izlarini aniqlash uchun mo‘ljallangan maxsus yoritgichlar yordamida vizual tarzda amalga oshiriladi.



4-rasm

Beshinchiidan, hodisa sodir bo‘lgan joyda ko‘zdan kechirish jarayonini amalga oshirishda biologik xususiyatga ega izlarni aniqlash uchun mo‘ljallangan maxsus ultrafiolet nur tarqatuvchi lanpalardan foydalanish mumkin.

Oltinchiidan, biologik xususiyatga ega namunalarni izlashda kimyoviy reagentlardan foydalanganda ehtiyotkor bo‘lish darkor. Chunki hamma kimyoviy moddalar ham DNK zanjiriga ijobiy ta‘sir qilmaydi.

Ettinchiidan, hodisa sodir bo‘lgan joyda aniqlangan har bir namuna alohida qog‘oz paketlarga qadoqlanishi shart. Bunda qadoqlarda undagi namunalarga tegishli ma‘lumotlar ko‘rsatilishi shart.

a) Pichoqlar, kiyim-kechaklar, poyabzallar va boshqalar kabi narsalarni bir butun holda, alohida paketlarda tekshirish uchun yuborish zarur. Agar biror narsani yoki uning qismini izlari bilan olib tashlash qiyin bo‘lsa, dog‘ yutilmaydigan yuzalardan tozalanadi, uni toza qog‘oz qopga soladi.

b) Hodisa sodir bo‘lgan joyda suyuq qon topilsa, u steril doka tampon yoki maxsus tashuvchi (FTA kartalar) lar yordamida olinadi. Agar izlar nam bo‘lsa,

issiqlikdan foydalanmasdan va to'g'ridan-to'g'ri quyosh nurlari tushishidan, shuningdek, ifloslanishdan (ifloslanishdan) himoyalangan xolda havoda quritiladi. Shundan so'ng ular qog'oz paketlar yoki konvertlarga qadoqlanadi.

c) Hodisa sodir bo'lgan joyda aniqlangan soch tolalarini olishda ehtiyotkor bo'lish zarur, ular aloxida qog'oz qopchaga joylashtiriladi.

d) Organlar va to'qimalarning bo'laklari (mushak to'qimalari) steril plastik yoki shisha probirkalarga yoki doka tamponlarga joylashtiriladi. Ularni tashish uchun eng yaxshi sharoitlar muzlagandan so'ng yoki maxsus muzli idishlarda amalga oshiriladi.

Zamonaviy usullarning yuqori sezgirligi biologik materialning mikro-miqdorlarini o'rganish imkonini beradi, shuning uchun u qanchalik kichik bo'lishidan qat'i nazar, tadqiqotga yuboriladi. Bundan tashqari, ba'zida biologik kelib chiqish izlari mutaxassis tomonidan laboratoriyada aniqlanishi mumkin, masalan, pichoqni qismlarga ajratishda, kiyimning tikuvlarida va hokazo. Shuning uchun, agar izlarning mavjudligi haqida oqilona taxminlar mavjud bo'lsa, ekspert oldiga ekspertiza tershiruvi uchun taqdim etilgan ob'yektlarda biologik namunalarning mavjudligi, tekshiruv uchun yaroqliligi kabi ish uchun ahamiyatli savollarni qo'yib, ekspert tadqiqotiga yuborish tavsiya etiladi.

Xulosa qilib aytadigan bo'lsak, biologik dalillar kriminalistikaning muhim qismi bo'lib, jinoyatlarni ochish uchun ishlatilishi mumkin. U gumondorlarni aniqlash, begunoh odamlarni oqlash va sud ishlarida muhim dalillarni taqdim etish uchun ishlatilishi mumkin. Shunday ekan, u huquqni muhofaza qiluvchi organlar mutaxassislari uchun bebaho vosita bo'lib, jinoyatni tergov qilishda hech qachon e'tibordan chetda qolmasligi kerak.

Jinoyat sodir bo'lgan joyni tergov qilishda huquqni muhofaza qilish organlari mutaxassislari jinoyatni kim sodir etganligi haqida ma'lumot beradigan har qanday biologik dalillarni qidiradilar. Biologik dalillarni o'rganib chiqib, ular ma'lum bo'lgan gumonlanuvchilarga mos keladimi yoki yo'qligini aniqlashlari va ulardan ularga qarshi ish ochish uchun foydalanishlari mumkin. Ba'zi hollarda, biologik dalillar hatto aybsiz gumonlanuvchilarni oqlash uchun ishlatilishi mumkin.

ODAM DNKSI SUD-BIOLOGIK EKSPERTIZASI LABORATORIYASINING ZAMONAVIY IMKONIYATLARI

Saitova Niyora Sobirjonovna

X. Sulaymonova nomidagi Respublika sudekspertiza markazi, Sud-ekspertlik ilmiy-tadqiqot institutining Sud-tibbiy, psixiatriya, psixologik va biologik ekspertizalari ilmiy tadqiqot bo'lim boshlig'i, 1-darajali yurist

Baxtiyorova Sitara Baxtiyorovna

X. Sulaymonova nomidagi Respublika sud ekspertiza markazi, Odam DNKsi sud-biologik ekspertizasi laboratoriyasi, katta eksperti, 3-darajali yurist

Sud ishi zamirida inson omili, taqdirlar yotadi. Demak, bu jarayonda taqdim etiladigan har bir axborot haqqoniy va rad etib bo'lmaz dalil darajasidagi xususiyatga ega bo'lishi zarur. Bugun ushbu holatda keng qo'llanilayotgan tushunchalardan biri sud ekspertizasidir.

Sud ekspertizasi bevosita sud ishlarini yuritishda ish holatlarini aniqlashga qaratilgan hamda sud eksperti tomonidan maxsus bilimlar asosida sud-ekspert tekshirishlarini o'tkazish va xulosa berishdan iborat protsessual harakat hisoblanadi.

Sud ekspertizasini maxsus tashkil qilingan ixtisoslashgan davlat muassasasi o'tkazadi. O'zbekistonda Sud ekspertizasi X.Sulaymonova nomidagi Respublika sud ekspertiza markazi va uning hududiy bo'linmalari, Sog'liqni saqlash vazirligining Sud tibbiy ekspertizasi Bosh byurosi va uning hududiy bo'linmalarida o'tkaziladi. Bundan tashqari, Sud ekspertizasi boshqa vazirlik va idoralar (jumladan, Ichki ishlar vazirligi, Mudofaa vazirligi) tarkibidagi bo'linmalarda ham amalga oshiriladi. Sud ekspertiza muassasasi zamonaviy ixtisoslashgan texnik vositalar bilan jihozlanishi, xodimlarning yuqori malakasi hamda tadqiqotlarni o'tkazishda maxsus ekspert uslublari qo'llanishi tufayli bu yerda o'tkaziladigan Sud ekspertizasining sifati va ishonchliligi ta'minlanadi.

Jumladan, X.Sulaymonova nomidagi Respublika sud ekspertiza markazidagi Odam DNKsi sud biologik ekspertizasini oladigan bo'lsak, DNK ekspertizasi jinoyatchilikni ochishda, voqea joyida qoldirilgan izlarni identifikatsiya qilishda, shaxsi noma'lum murdalarning shaxsini aniqlashda, nizoli qarindoshlik kabi masalalarni xal etishda juda dolzarbdir.

Odam DNKsi SBE laboratoriyasi identifikatsiya, diagnostika va klassifikatsiya kabi masalalarni xal etadi.

Identifikatsiya masalasiga– biologik izni gumondagi shaxs solishtirma qon yoki so'lak namunasi bilan solishtirish orqali uning shaxsini aniqlash, qon dog'lari,

so‘lak, soch, ter namunasi, tana bo‘laklari va boshqa biomateriallarni bir shaxsdan kelib chiqqanligini aniqlash, qon dog‘lari, so‘lak, soch, ter namunasi, tana bo‘laklari va boshqalarning gumondagi shaxsning qarindoshlari biomateriallari bilan solishtirib uning shaxsini aniqlash kabilar kiradi.

Diagnostika masalasiga–biomaterialning DNK tadqiqotlari uchun yaroqliligini aniqlash, bolaning biologik ota-onasini aniqlash, ota yoki ona avlod bo‘yicha o‘zaro biologik qarindoshlikni aniqlash, etnik kelib chiqishni aniqlash kabilar kiradi.

Klassifikatsiya masalasiga esa voqea joyidan topilgan biomateriallarning jins mansubligini aniqlashni kiritish mumkin.

Odam DNKsi sud-biologik ekspertizasi obyektlariga - o‘z tarkibida DNK molekulalarini saqlaydigan har qanday odam biologik materiallari, jumladan qotillik sodir etilgandagi biologik materiallar tashuvchilar kiradi. Ularga misol qilib voqea joyidagi qon izlar; qon va tana ajratmalarining qurib qolgan izlari; ashyoviy dalildagi biologik izlar (qon, so‘lak, ter-yog‘ izlari), ya‘ni sigaret qoldiqlari; voqea joyida qoldirib ketilgan kiyim kechaklar, jumladan kepka, niqoblar; stakan; bakalajkalar; qotillik qurollaridagi biologik izlar (qon, ter-yog‘ izlari), ya‘ni pichoq, arqon, stol, stul, turli temir buyumlar, shisha idishlar, toshlar kabi qotillik qurollari sifatida foydalanilgan barcha narsalardagi qon va ter-yog‘ qoldiqlari; voqea joyidan topilgan soch tolalari; bo‘laklangan tana qoldiqlari; murda obyektlari; tishlar va suyak fragmentlari; o‘zida maniy qoldiqlarini saqlovchi turli kiyimlar, ichki kiyimlar, yopinchiqlar, yostiqlar, surtmalar va boshqalarni keltirishimiz mumkin.

Bugungi kunda ashyoviy dalildagi biologik izlarni mavjud yoki mavjud emasligini bilish uchun ularni yaqqol ko‘rsatib beruvchi zamonaviy maxsus spreylar (Ningidrin-print), zamonaviy “Optimax™ 450 blue light (450nm)” lampasi, maxsus ekspres test kassetalari va ko‘pgina zamonaviy vositalar ishlab chiqilgan.



1-rasm
(Optimax™ 450 blue light (450nm))” lampasi)



2-rasm
(Maxsus ekspres test kassetasi)

Bunday spreylar, lampalar va maxsus ekspress test kassetalari biologik izlarni ashyoviy dalilning qaysi qismida mavjudligini aniq ko'rsatib berishda va umuman, DNK ekspertizasi tayinlash uchun zarurat bor yoki yo'qligini aniqlashda qulay vosita bo'lib xizmat qiladi.

Odam DNKsi sud-biologik ekspertizasi laboratoriyasida ham aynan shunday ekspertiza tekshiruvi uchun taqdim etilgan ashyolardagi namunalarda biologik materiallar mavjud yoki yo'qligini aniqlashda qol keladigan vositalardan keng foydalanilmoqda.

Oxirgi yillar ichida laboratoriyada olib borilgan ilmiy izlanoshlar natijasida ko'plab yangi tadqiqot turlari amaliyotga tadbiiq etildi. Shular sirasiga kuchli degradatsiyaga uchragan suyaklarda DNK ajratishning optimallashtirilgan usuli, ikkinchi darajadagi qarindoshchilikni hisoblashning yangi matematik hisob-kitob algoritmlarini yaratilishi kabilar kiradi.

Shu bilan birga har yili laboratoriya xodimlari tomonidan dunyoning bir qancha firmalari tomonidan ishlab chiqariladigan turli xil reagentlari laboratoriya sharoitida validatsiya va aprobatsiya jarayonlarini o'tkazib, laboratoriya sharoitiga moslashtirgan xolda ekspertlik amaliyotida yuzaga keladigan ekspertlik masalalarni xal qilishda keng foydalanib kelinmoqda.

Shuni takidlash kerakki, shu yili Markaz tomonidan O'zbekiston Akkreditatsiya Markazi O'ZAKK tomonidan O'z DSt ISO/IEC 17025:2019 xalqaro akkreditatsiya standarti bo'yicha Akkreditatsiya guvohnomasi ham olindi. Akkreditatsiya doirasiga aynan odam DNKsi sud-biologik ekspertizasi laboratoriyasining faoliyati kirganligini ham aytib o'tish maqsadga muvofiqdir.

Laboratoriyada shu kunga qadar yadroviy DNK, Y-xromasoma, mitoxondrial DNK kabi markerlardan foydalanib kelingan. Ayni damda esa ushbu markerlarga qo'shimcha ravishda X-xromasoma asosida tadqiqotlarni joriy qilish bo'yicha ishlar olib borilmoqda.

ГЕНЕТИКА ФАНИ ЮТУҚЛАРИНИНГ КРИМИНАЛИСТИКАДА ҚЎЛЛАНИЛИШИ

Саитова Нийёра Собиржонова

Х. Сулаймонова номидаги РСЭМ Суд экспертлик илмий-тадқиқот институтининг Суд-тиббий, психиатрия, психологик ва биологик экспертизалари илмий тадқиқот бўлим бошлиғи, 1-даражали юрист,

Ахмедов Баходир Бахтиярович

Х. Сулаймонова номидаги РСЭМ Одам ДНКси суд-биологик экспертизаси лабораторияси етакчи эксперти, 2-даражали юрист,

Аннотация: ДНК экспертизаси ёки генетик дактилоскопия XX-асрда жиноятларни тергов қилишда қўлланила бошланди. Бугунги кунда технология шу қадар яхшиландики, далилларни текширишда кўзга кўринмайдиган ДНК зарраларини аниқлаш имконияти яратилган. Ушбу мақолада яннан жиноятларни тергов қилишда ДНК экспертизасининг аҳамияти ҳамда ҳозирги кундаги ривожланиш ҳолати ёритилган.

Калит сўзлар: ДНК экспертиза, из, геном, ҳайвонлар ДНКси.

Аннотация: ДНК экспертиза или генетическая экспертиза начало использоваться при расследовании преступлений со второй половины XX-века. На сегодняшний день технологии настолько улучшились, что можно определить не видимые глазом молекулы ДНК при проверки доказательств. В этой статье указано современное состояние и роль ДНК экспертизы при расследованиях преступлений.

Ключевые слова: ДНК экспертиза, след, геном, ДНК животных.

Annotation: DNA testing or genetic testing has been used in crime investigations since the second half of the twentieth century. Today, technology has improved so much that it is possible to identify DNA molecules invisible to the eye when checking evidence. This article indicates the current state and role of DNA testing in crime investigations.

Keywords: DNA examination, trace, genome, animal DNA.

Нисбатан яқинда – тахминан бир аср олдин-жиноят жойида илм-фан ёрдамида талқин қилиниши ва судга тақдим этилиши мумкин бўлган жуда кўп фойдали маълумотлар яширинганлиги маълум бўлди. Фақат XVIII-XIX-асрларда тузилган тўғри жинойт тергов ғояси кенг тарқалгач, терговчилар ўз фаразларини тасдиқловчи далилларни излай бошладилар. Криминалистика ва терговда лаборатория текширувларидан фойдаланиш суд

жараёнини ўзгартирди ва судда генетик текширувлар натижаларининг пайдо бўлиши жиноятчининг айбига оид шубҳасиз далилларни топишга имкон берди. Бироқ, аслида, ҳамма нарса бироз мураккаброқдир.

Инсоннинг ҳаёти, соғлиги ҳамда жинсий дахлессизлигига қарши қаратилган жиноят ишларини тергов қилишда ашёвий далиллар муҳим маълумот манбаи ҳисобланади. Бундай далиллар сирасига излар киради.

Одатда излар деб, воқеа жойида содир бўлган ўзгаришларга айтилади. Терговчи тергов қилинаётган иш бўйича ҳодисанинг ҳолатини бундай излар билан аниқлаштириш учун кўпинча фан ва техниканинг турли соҳаларидаги билимлардан фойдаланадиган мутахассислардан ёрдам сўрайди, масалан, изни ҳосил қилган модданинг табиати ва хусусиятларини аниқлаш учун.

Криминологияда кенг маънода из деб, жиноят содир этиш натижасида юзага келган дастлабки вазиятдаги ҳар қандай моддий ўзгаришларнинг натижасига айтилади.

Кейинги, тор маънода, бир объектнинг бошқа бир объектда акс этиши, шунингдек, механик, термик, кимёвий ва бошқа таъсирларнинг қатламланиши, ажралиши ва бошқа шунга ўхшаш натижаларини моддий жиҳатдан қатъий акс эттиришдир.

Маълумки, кўпгина ҳолларда қотиллик, ўғирлик ва шунга ўхшаш жиноятлар содир этилган жойларда жиноят содир иштирокчилари томонидан ташланган ёки тасодифан ташланган сўлак намуналарини ўзида тутувчи сигарет қолдиқлари топилади. Шу билан бирга ҳодиса содир этилган жойларда, жиноят қуролларидан ташқари ўзида тер-ёғ қолдиқларини тутувчи унутилган кийим-кечак, тананинг турли ажралмалари қолдиқлари, соч толалари каби излар ҳам аниқланиши мумкин. Бундай излар биологик деб аталади.

Ҳодиса содир этилган жойда топилган биологик хусусиятга эга ашёвий далиллари (қон ва маний излари, соч толалар ва бошқалар.) жиноят жойини аниқлаш ва воқеа ҳолатларини тиклаш, жиноятчини ҳамда жиноят қуролини аниқлаш воситаси бўлиб хизмат қилиши мумкин.

Биологик хусусиятга эга изларни таҳлил қилиб, уни кимдан келиб чиққанлиги аниқлаш ДНК экспертизасининг хал қиладиган масалаларига киради. Аммо ДНК экспертизаси битта шу билан чекланиб қолмаган. ДНК замонавий криминологияда шунчалик кенг қўлланиладики, у аслида биокимёвий ва серологик қон тестларини тўлиқ ўрнини босди. ДНК синовлари ёрдамида узок давом этган серияли қотилликлар аниқланди, қирол ва подшолар оиласи қолдиқларининг ҳақиқийлиги тасдиқланди, худкуш-террорчилар шахсига аниқлик киритиш имконияти пайдо бўлди.

ДНК-бу генетик кўрсатмаларни ўз ичига олган ва бизнинг ташқи кўринишимизни аниқлайдиган молекула. Бизнинг ДНКнинг 99,9% бошқа одамларнинг ДНКси билан бир хил, аммо қолган 0,1% бизни шахс сифатида ажратиб туради. Улар ушбу маълумотлардан жиноят жойидан биоматериалдан ДНК профилини яратиш учун фойдаланадиган суд-генетиклар учун муҳимдир.

Бизнинг ДНКмизнинг бундай муҳим қисми деярли бир хил бўлганлиги сабабли, суд экспертлари ДНК занжирини тўлиқ таҳлил қилмайдилар - бу жуда қимматга тушади. Бунинг ўрнига, улар одатда STR (short tandem repeat) деб номланадиган ДНК занжиридаги қисқа такрорланадиган қисмлари таҳлил қилинади. Улар бир-биридан фарқ қилади ва улар генетик белгилар сифатида бир-бирига боғлиқ бўлмаган шахслар орасида жуда кам учрайдиган ДНК профилини яратиш учун ишлатилиши мумкин.

Ушбу қонуният асосида ҳодиса содир бўлган жойидан олинган намунадан ДНК профили олинганда, уни миллий маълумотлар базасига киритилган бошқа профиллар ва гумон қилинувчи ҳамда жабрланувчининг ДНКси билан солиштириш мумкин. Агар иккала профиль ҳам бир хил бўлса, биз тўлиқ мослик ҳақида гапирамиз; албатта профилларнинг қисман мос келиш ҳолатлари ҳам учраб туради.

Ушбу имкониятлардан самарали фойдаланиш мақсадида 2020 йил 24 ноябрь куни ЎРҚ-649-сон билан “Геном бўйича давлат рўйхатига олиш тўғрисида”ги Ўзбекистон Республикасининг қонуни қабул қилинган. Ушбу қонун 2023 йил 01 январь кунидан кучга кирган ҳисобланади. Ушбу қонуннинг асосий мақсади давлат рўйхатига олиш соҳасидаги муносабатларни тартибга солишдан иборат бўлиб, унга асосан геном бўйича мажбурий равишда давлат рўйхатига олиниши лозим бўлганларга қуйидагилар киритилган:

- оғир ва ўта оғир жиноятларни содир этишда гумон қилинувчи, айбланувчи сифатида жалб қилинган шахслар;
- оғир, ўта оғир жиноятларни содир этганлик, жинсий эркинликка қарши жиноятлар, ўн олти ёшга тўлмаган шахс билан жинсий алоқа қилиш ва ўн олти ёшга тўлмаган шахсга нисбатан уятсиз-бузуқ ҳаракатлар қилиш билан боғлиқ жиноятларни содир этганлик учун ҳукм қилинган шахслар (бундан буён матнда геном бўйича мажбурий равишда давлат рўйхатига олиниши лозим бўлган ҳукм қилинган шахслар деб юритилади);
- биологик материали терговга қадар текширув, суриштирув, дастлабки тергов жараёнида олинган аниқланмаган шахслар;
- таниб олинмаган мурдалар (тана қолдиқлари, қисмлари) [1].

Шу билан бирга Ўзбекистон Республикаси фуқароларининг, чет эл фуқароларининг ва фуқаролиги бўлмаган шахсларнинг ёзма аризасига кўра пулли хизмат асосда ихтиёрий равишда давлат рўйхатига олишни ҳам амалга ошириш мумкин бўлади.

Шу билан бирга қонунда геном ахбороти маълумотлар базаси ёрдамида жиноятларни фош этишда соҳага замонавий усул ва технологияларни жорий этиш масаласи қамраб олинди. Бу эса жиноятчиликка қарши курашишда самарали усул ҳисобланади.

Геном бўйича давлат рўйхатига олиш дейилганда ваколатли органлар ва муассасалар томонидан биологик материални ва геномга оид ахборотни йиғиш, ҳисобга олиш, тизимлаштириш, сақлаш, ўзгартириш, тўлдириш, ундан фойдаланиш ҳамда уни йўқ қилиш ва муҳофаза қилиш бўйича амалга ошириладиган фаолият тушунилади.

Яъни, ушбу фаолият ягона маълумотлар базасидаги геномга оид ахборотдан фойдаланиш орқали одамнинг шахсини, таниб олинмаган мурдани идентификация қилиш ва биологик қариндошликни аниқлаш мақсадида амалга оширилади.

Шуни таъкидлаш керакки, генеалогик тадқиқотнинг муваффақиятли усулини ўрнатгандан сўнг, уни АҚШда жиноятларни тергов қилиш Parabon компаниясини яратиш орқали ташкил этилди. Унинг фаолияти қотиллик ва жинсий дахлсизликка қарши амалга оширилган жиноятларни тергов жараёнида очишнинг имконияти бўлмаган ҳолларда кенг фойдаланишга қаратилган эди.

Шунингдек, ушбу компания ДНК асосида одамнинг юзининг ташқи тузилишини тиклашга қаратилган Snapshot DNA Phenotyping Service хизматини ишлаб чиқди. Ҳозирги вақтда ушбу услуб кўплаб танқидларга сабаб бўлмоқда, чунки уни қўллашнинг муваффақияти тасдиқланмаган, аммо шунга қарамай, АҚШ Мудофаа вазирлиги ушбу воситани ишлаб чиқишни молиялаштириш учун тахминан 2 миллион доллар ажратди [2].

Шу билан бирга ДНК таҳлили орқали нафақат одамларнинг балки ҳайвонлар ва ўсимликлар ҳамда микроорганизмларни таҳлил қилиш йўли билан инсон фаолиятини яхшилаш ҳамда жиноятларни тергов қилишда ҳам кенг фойдаланиш мумкин.

Шу ўринда криминалистика, озиқ-овқат хавфсизлиги ва сифат назорати муаммоларини ҳал қилишда молекуляр биологиянинг замонавий ютуқларидан фойдаланиш имконияти катта амалий аҳамиятга эга. Биологик материалнинг тур келиб чиқишини аниқлаш импорт қилинадиган хом ашё ва озиқ-овқат

маҳсулотларининг сифати ва хавфсизлиги кафолати, иқтисодий фирибгарликка қарши кураш воситаси бўлиб хизмат қилиши мумкин.

Бундай синовнинг аҳамияти шундаки, бундай маҳсулотлар, коида тариқасида, бир қатор ингредиентлардан иборат бўлиб, бу уларнинг рухсатсиз компонентлар билан беҳосдан ёки қасддан ифлосланишига имкон беради.

Криминалистикада озиқ-овқат маҳсулотларининг ҳақиқийлигини аниқлаш одатда уларни ишлаб чиқариш жараёнида сохталаштириш, шу жумладан ёввойи ҳайвонларнинг гўштидан рухсатсиз фойдаланиш, шунингдек арзонроқ гўшт маҳсулотларини алмаштириш ёки кўшиш билан боғлиқдир. Бу каби тадқиқотлар кўплаб дуню мамлакатларида амалга оширилиб келинмоқда.

Шундай қилиб, биз қуйидаги хулосалар чиқаришимиз мумкин: ДНК таҳлили пайдо бўлганидан бери шахсни аниқлашда ўзини муваффақиятли исботлади ва ҳозирги кунда дунёнинг аксарият ривожланган мамлакатларида шахсий мақсадларда ҳам, жиноятларни тергов қилиш доирасида ҳам кенг қўлланилмоқда.

Фойдаланилган адабиётлар ва манбалар

1. ЎРҚ-649-сон “Геном бўйича давлат рўйхатига олиш тўғрисида”ги Ўзбекистон Республикасининг қонуни (<https://lex.uz/docs/5120412>)
2. А.К.Рыжкова “Новые возможности ДНК в криминалистике: Зарубежный опыт” Журнал Проблемы криминалистики, 2019г.
3. <https://ria.ru/20190207/1550431030.html>
4. <https://news.fullerton.edu/2019/04/dna-science-exhibit/>
5. <https://pravo.ru/process/view/145542/>

**ПРОВЕДЕНИЕ ВАЛИДАЦИИ НАБОРА ГЕНОТИПИРОВАНИЯ
“VERSAPLEX™ 27PY” (PROMEGA, США)**

Норматов Асилбек Эрмухаммадович

*заведующий лаборатории «Судебно биологической экспертизы ДНК
человека» РЦСЭ им.Х. Сулаймановой при МЮ РУз,*

Ахмедова Дилобар Шухратовна

*главный эксперт лаборатории «Судебно биологической экспертизы ДНК
человека» РЦСЭ им.Х. Сулаймановой при МЮ РУз,*

Саитова Нийёра Собиржоновна

*Начальник научно-исследовательского отдела судебно-медицинских,
психологических, психиатрических и биологических экспертиз судебно-
экспертного научно-исследовательского института РЦСЭ
им.Х. Сулаймановой при МЮ РУз,*

Бахтиёрова Ситора Бахтиёровна

*старший эксперт лаборатории «Судебно биологической экспертизы ДНК
человека» РЦСЭ им. Х. Сулаймановой при МЮ РУз,*

Почековский Александр

менеджер компании Promega

Аннотация: В статье изложены результаты полученные в ходе проведения валидации набора генотипирования “VersaPlex™ 27PY” (Promega, США), в целях использования в производстве экспертных исследований условиях лаборатории Судебно биологической экспертизы ДНК человека” РЦСЭ им.Х.Сулаймановой МЮ РУз. Выявлены оптимальные параметры проведения ПЦР, а имеено количество числа циклов (Cycle Number Optimization), определен аналитический порог АП (Analytical Threshold), также определены уровень чувствительности (Sensitivity), стохастический порог (Stochastic Threshold); проведен выбор удовлетворительных типов образцов (Known Database-Type Samples); определены точности размеров стандаров и воспроизводимость контрольной ДНК(Precision, Accuracy), проведена оценка загрязнения(Contamination Assessment) лаборатории.

Ключевые слова: Валидация, ПЦР, генотипирование, набор генотипирования “VersaPlex™ 27PY” (Promega, США).

Annotation: The article presents the results obtained during the validation of the genotyping kit “VersaPlex™ 27PY” (Promega, USA), for the purpose of use in the production of expert studies in the laboratory of the “Forensic Biological Examination of Human DNA” RCSE named after Kh. Sulaimanova of the Ministry of Justice of the Republic of Uzbekistan. The optimal parameters for carrying out PCR have been identified, and the number of cycles has been determined (Cycle Number Optimization), the analytical threshold of the AP (Analytical Threshold) has been determined, and the level of sensitivity (Sensitivity) and stochastic threshold (Stochastic Threshold) have also been determined; a selection of satisfactory sample types (Known Database-Type Samples) was carried out; The accuracy of the size of the standards and the reproducibility of control DNA (Precision, Accuracy) were determined, and a Contamination Assessment of the laboratory was carried out.

Key words: Validation, PCR, genotyping, genotyping kit “VersaPlex™ 27PY” (Promega, USA).

Аннотация: Мақоллада О‘zbekiston Respublikasi Adliya vazirligi X. Sulaymonova nomidagi RSEMning Odam DNKsi sud-biologik ekspertizasi laboratoriyasi sharoitida “VersaPlex™ 27PY” (Promega, AQSH) genotipni aniqlash to‘plamini validasiyasi natijalari keltirilgan. Validasiyani o‘tkazish jarayonida PCRni o‘tkazish uchun optimal parametrlar, xususan PZR uchun optimal sikllari soni(Cycle Number Optimization), analitik chegarasi(Analytical Threshold), sezgirlik darajasi (Sensitivity) va stokastik chegarasi(Stochastic Threshold) aniqlandi. Shuningdek, qulay biologik namuna turlarini(Known Database-Type Samples) tanlab olindi; to‘plam uchki va tashqi standartlari o‘lchamlari va to‘plam nazorat DNKsi profilini taxlil davomida aniqlik va takrorlanuvchanligi(Precision, Accuracy) o‘ganildi xamda laboratoriyaning ifloslanish darajasiga(Contamination Assessment) baho berildi.

Kalit so‘zlar: Validatsiya, PCR, genotiplash, “VersaPlex™ 27PY” genotiplash to‘plami (Promega, AQSh).

Актуальность: Одним из условий получения аккредитации является выполнение п.7.2.2. международного стандарта ISO17025 17025:2019, согласно которому лаборатория должна проводить валидацию нестандартных методов, методов, разработанных лабораторией, и стандартных методов, используемых за пределами их области. Валидация должна быть настолько полной, насколько это необходимо, чтобы отвечать потребностям области применения. В связи расширением области аккредитации в лаборатории СБЭ ДНК человека РЦСЭ была проведена валидация набора генотипирования “VersaPlex™ 27PY” (Promega, США).

Набор “VersaPlex® 27PY System” содержит 27 маркеров ДНК человека: Amelogenin, D3S1358, D1S1656, D2S441, D10S1248, D13S317, Penta E, D16S539, D18S51, D2S1338, CSF1PO, Penta D, TH01, vWA, D21S11, D7S820, D5S818, TPOX, D8S1179, D12S391, D19S433, D6S1043, D22S1045, DYS391, FGA, DYS576, DYS570. Набор полностью совместим с международными популяциями и соответствует требованиям FBI Combined DNA Index System (CODIS), European Standard Set (ESS), UK, Germany, Interpoli включает в себя все локусы, необходимые для создания баз данных. Набор оптимизирован для работы с выделенной ДНК и время ПЦР составляет примерно 60 минут. Набор может быть использован для идентификации, анализа родства и создания баз данных ДНК.

Валидация набора системы энзиматической амплификации “VersaPlex™ 27PY” проводилась совместно с сотрудниками службы валидации компании Promega GI Validation Services, в соответствии текущим версиям Стандартов обеспечения качества ФБР для лабораторий баз данных ДНК, рекомендациям ENSFI по ДНК-профилированию, и ISO/IEC 17025:2017, а также рекомендациям по валидации, изложенным Научной рабочей группой по методам анализа ДНК (SWGDM). Эти эксперименты были разработаны для демонстрации чувствительности и надежности системы VersaPlex™ 27PY на генетическом анализаторе Applied Biosystems® 3500xL.

Цель: Проведение валидации методики QТП 29.1-42(1) «Постановка прямой ПЦР образцов крови и буккального эпителия с использованием набора “VersaPlex™ 27PY System» пригоден для проведения экспериментальных исследований, молекулярно-генетической идентификации личности и определения родства валидации набора “VersaPlex® 27PY System” “Promega”(США) для проведения исследований и анализа ДНК образцов крови на нуклеиновых картах, для образцов буккального эпителия на щетках, а также для анализа ДНК, выделенной из различных следов биологического происхождения”. Определить оптимальное количество числа циклов (Cycle Number Optimization), аналитический порог АП (Analytical Threshold), уровень чувствительности (Sensitivity), стохастический порог (Stochastic Threshold), воспроизводимость контрольной ДНК(Precision, Accuracy), выбрать удовлетворительных тип образцов (Known Database-Type Samples) и провести оценку загрязнения(Contamination Assessment) лаборатории.

Материалы и методы: ДНК образцов крови на нуклеиновых картах и на предметах носителях, а также ДНК из образцов буккального эпителия на щетках выделяли путем применения реагента “Swab Solution kit”(Promega, США). Для проблемных образцов проводили количественный анализ

применяя набор “PowerQuant System”(Promega, США) на приборе “QuantStudio™ 5 Real-Time PCR Instrument”, фрагментный анализ проводили на генетическом анализаторе Applied Biosystems ® 3500xL. Для валидации использовался набор “VersaPlex® 27PY System” который содержит: 1. реагенты для проведения ПЦР (Water, Amplification Grad, VersaPlex™ 27PY 5X Master Mix, VersaPlex™ 27PY 5X Primer Pair Mix, 2800M Control DNA, 10ng/µl; 2. Реагенты для проведения фрагментного анализа VersaPlex™ 27PY Allelic Ladder Mix и WEN Internal Lane Standard 500.

Метод анализа наборов генотипирования мультиплексная полимеразная цепная реакция (далее ПЦР), с последующим исследованием продуктов реакции с помощью капиллярного электрофореза на автоматическом анализаторе. Флуоресцентные метки, связанные со специфическими праймерами, входящими в состав набора, детектируются в пяти независимых спектральных диапазонах (каналах). Флуоресцентная метка, связанная с фрагментами размерного стандарта, детектируется в шестом канале.

Результаты. Для выявления оптимального числа циклов (**Cycle Number Optimization**) ПЦР в условиях лаборатории были протестированы три разных количества циклов; 24, 25 и 26 циклов. Восемь образцов буккального ФТА®, два образца буккального мазка, два образца крови ФТА® и два образца мазка крови амплифицировали в двух повторностях. Были рассчитаны средние высоты пиков. Результаты оптимизации числа циклов были оценены для общей средней высоты пиков. Семь образцов были исключены из анализа высоты пика из-за некачественных инъекций или возможного загрязнения. Средние высоты пиков остальных образцов варьировались от 87 RFU до 7957 RFU для образцов, усиленных 24 циклами, от 209 RFU до 12809 RFU для образцов, усиленных 25 циклами, и от 536 RFU до 22557 RFU для образцов, усиленных 26 циклами. На основании полученных данных было выбрано количество циклов в 25 циклов.

Для установления аналитического порога (далее - АП) (**Analytical Threshold**) использовали четырнадцать образцов из известного исследования. Эти образцы, выбранные для оценки АП, не показали каких-либо выпадений или данных за пределами шкалы. Определение АП проводилось путем установки порога считывания на 1 RFU в программном обеспечении GeneMapper® ID-X и отключения детектора спайков. Все пики и артефакты, связанные с профилем, или известные артефакты в наборе для амплификации VersaPlex™ 27PY были удалены. Для каждого канала красителя определяли среднюю высоту оставшихся шумовых пиков и стандартное отклонение. К

каждому среднему значению добавляли десятикратное стандартное отклонение для оценки аналитического порога для каждого красителя.

	Average Noise Peak Height	Standard Deviation	Average + 10 * SD	Maximum Noise Peak Height
Fluorescein	7	5	54	71
JOE	10	5	59	55
TMR	6	3	38	40
CXR	9	4	49	49
TOM	9	4	46	37
All Dyes Combined	8	4	52	71

Таблица №1: Средний базовый шум для каждого канала красителя и всех каналов красителя, объединенных для образцов, усиленных с помощью VersaPlex™ 27PY на системе ПЦР ProFlex™ в течение 25 циклов. Образцы прогоняли на Applied Biosystems® 3500xL с использованием впрыска напряжением 1,2 кВ, продолжительностью 24 секунды.

Также оценивалась максимальная высота шумового пика в каждом канале красителя. Средняя высота пика шума по всем красителям составила 8 RFU при стандартном отклонении (SD) 4 RFU (таблица №1). Средняя высота пика шума плюс 10 X SD составила приблизительно 52 RFU для всех красителей вместе взятых. Средняя высота пика шума плюс 10 X SD варьировалась от 38 RFU до 59 RFU между каналами красителя. Максимальный наблюдаемый пик шума составил 71 RFU. Основываясь на результатах, лаборатория выбрала аналитический порог в 100 RFU.

<p>Исследование чувствительности (Sensitivity) использовалось для демонстрации динамического диапазона системы VersaPlex™ 27PY. Тестируемые матрицы ДНК были 20 нг, 10 нг, 5 нг, 2,5 нг, 1 нг, 500 мкг, 400 мкг, 300 мкг, 200 мкг и 100 мкг. Каждое из этих разведений амплифицировали в трех повторностях. Полученные данные использовались для оценки процентного профиля, средней высоты пиков, соотношения высот пиков и линейности в диапазоне протестированных матриц ДНК. Выпадение</p>	<p>Таблица №2: Процентный профиль, полученный для образцов, амплифицированных Versaflex™ 27PY на системе ПЦР ProFlex™ в течение 25 циклов. Образцы прогоняли на Applied Biosystems® 3500xL с использованием впрыска напряжением 1,2 кВ, продолжительностью</p>
--	--

впервые наблюдалось в серии чувствительности при 100 ppg для DNA1 и DNA2 (таблица №2).

24 секунды. Образцы были проанализированы с порогом в 100 RFU.

		% Profile of Sensitivity Series		
20ng	DNA 1	100%	100%	
	DNA 2	100%		
10ng	DNA 1	100%	100%	
	DNA 2	100%	100%	100%
5ng	DNA 1	100%	100%	
	DNA 2	100%	100%	
2.5ng	DNA 1	100%	100%	100%
	DNA 2	100%	100%	100%
1ng	DNA 1	100%	100%	
	DNA 2	100%	100%	
500pg	DNA 1	100%		
	DNA 2	100%	100%	
400pg	DNA 1	100%	100%	
	DNA 2	100%	100%	100%
300pg	DNA 1	100%	100%	100%
	DNA 2	100%	100%	
200pg	DNA 1	100%	100%	
	DNA 2	100%	100%	
100pg	DNA 1	81%	77%	30%
	DNA 2	91%		

Стохастический порог (**Stochastic Threshold**) был рассчитан с использованием ряда чувствительности. Гетерозиготные локусы были исследованы на предмет выпадения ниже аналитического порога для одного из двух ожидаемых аллелей. Была определена средняя высота пика остальных аллелей вместе со стандартным отклонением. Для оценки стохастического порога к среднему значению добавлялось трехкратное стандартное отклонение. Также оценивалась вероятность отсева в гетерозиготных локусах на основе высоты пика. Модель логистической регрессии использовалась для оценки вероятности отсева, как описано в приложении В “Комиссии по ДНК Международного общества судебной генетики: Рекомендации по оценке результатов типирования STR, которые могут включать отсев и /или отсев с использованием вероятностных методов” Р. Gill и др.

В общей сложности в серии чувствительности наблюдалось 18 случаев выпадения сестринского аллеля (таблица №3).

Surviving Sister Allele Count	Surviving Sister Allele Average Peak Height	Surviving Sister Allele Standard Deviation	Surviving Sister Allele Max Height	Surviving Sister Allele Average Peak Height + 3SD
18	126	18	168	180

Таблица №3: Средняя высота пика и стандартное отклонение выживших сестринских аллелей для образцов, амплифицированных с помощью Versaflex™ 27PY на системе ПЦР ProFlex™ в течение 25 циклов. Образцы прогоняли на Applied Biosystems® 3500xL с использованием впрыска напряжением 1,2 кВ, продолжительностью 24 секунды.

Средняя высота пика для выжившего сестринского аллеля составила 126 RFU при стандартном отклонении 18 RFU. Средняя выжившая высота пика сестринского аллеля плюс 3 X SD составила 180 RFU. Максимальный наблюдаемый выживший сестринский аллель составлял 168 RFU. Логистический регрессионный анализ вероятности отсева показан на рисунке 8. Основываясь на модели логистической регрессии, вероятность выпадения 1% коррелирует с высотой пика приблизительно 202 RFU (таблица №4). Основываясь на результатах, лаборатория приняла решение о стохастическом пороге в 200 RFU.

Probability of Dropout	Peak Height (RFU)
20%	126
10%	145
5%	163
2.5%	180
2.0%	185
1.5%	193
1.0%	202
0.5%	219
0.25%	235
0.1%	256

Таблица №4: Оценки вероятности отсева для образцов, амплифицированных с помощью Versaflex™ 27PY на системе ПЦР ProFlex™ в течение 25 циклов. Образцы прогоняли на Applied Biosystems® 3500xL с использованием впрыска напряжением 1,2 кВ, продолжительностью 24 секунды.

Для определения удовлетворительного типа образцов (Known Database-Type Samples) известные образцы, состоящие из 30 образцов буккальной карты ФТА® , шести образцов буккального мазка, двух образцов карты ФТА® крови и двух образцов мазка крови, были амплифицированы в двух экземплярах. Колонки 4-6 были повторно введены на 3500xL из-за проблем с электрофорезом. Повторно введенные образцы анализировались только в том случае, если первоначальные инъекции были низкого качества. Все образцы были проанализированы как профили из одного источника с неаллельными пиками (например, подтягивание), исключенными из оценки генотипа. Был рассчитан показатель успеха первого усиления. Выборка считалась успешной, если все пики аллелей были на уровне или выше аналитического порога, а все гомозиготные пики аллелей были на уровне или выше стохастического порога. Соответствие между повторами оценивали для всех образцов. Были рассчитаны средние высоты пиков и соотношения высот пиков. Эти образцы также были использованы для установления аналитического порога.

Все известные образцы типа базы данных были проверены на соответствие между репликами и были признаны на 100% соответствующими друг другу. Показатель успеха первого прохода составил 98,8% для всех комбинированных типов образцов (таблица №5).

Known Sample Plate Map											
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
A		004	007	011	015	019	023	027	030	032	036
B		004	008	012	016	019	023	027	037	033	039
C	001	005	008	012	016	020	024	028	037	033	039
D	001	005	009	013	017	020	024	028	038	034	040
E	002	006	009	013	017	021	025	029	038	034	040
F	002	006	010	014	018	021	025	029	031	035	
G	003	007	010	014	018	022	026	030	031	035	
H	003		011	015		022	026		032	036	

Рисунок №5: Карта планшета со статусом прохождения/неудачи известных образцов типа базы данных, амплифицированных с помощью Versaflex™ 27PY на системе ПЦР ProFlex™ в течение 25 циклов. Образцы прогоняли на Applied Biosystems® 3500xL с использованием впрыска напряжением 1,2 кВ,

продолжительностью 24 секунды. Темно-зеленые ячейки представляют образцы, которые прошли без флагов качества. Светло-зеленые ячейки представляют образцы, которые прошли с зашкаливающими данными. Желтые ячейки представляют образцы, которые прошли с флагами качества размера. Красные клетки представляют собой образцы, которые потерпели неудачу.

Из 40 образцов, амплифицированных в двух экземплярах, один образец вышел из строя из-за наличия артефактов или загрязнения неизвестного происхождения. Три образца прошли с зашкаливающими данными. Два образца прошли с отметками качества по размеру из-за некачественных инъекций.

Для определения точности (Precision, Accuracy) была оценена миграция каждого аллеля в аллельном леддере набора VersaPlex™ 27PУ. Оценивали десять аллельных леддеров. Средний размер пары оснований, стандартное отклонение, минимальный размер, максимальный размер и диапазон размера пары оснований были рассчитаны для каждого аллеля, присутствующего в аллельной лестнице. Расчеты точности аллельной лестницы соответствовали критериям стандартного отклонения <0,16 п.н. и диапазона <0,5 п.н., когда на одну пластину вводили десять лестниц (рис. №1). Максимальное наблюдаемое стандартное отклонение составило 0,08 п.п. при максимальном диапазоне размеров 0,28 п.п.

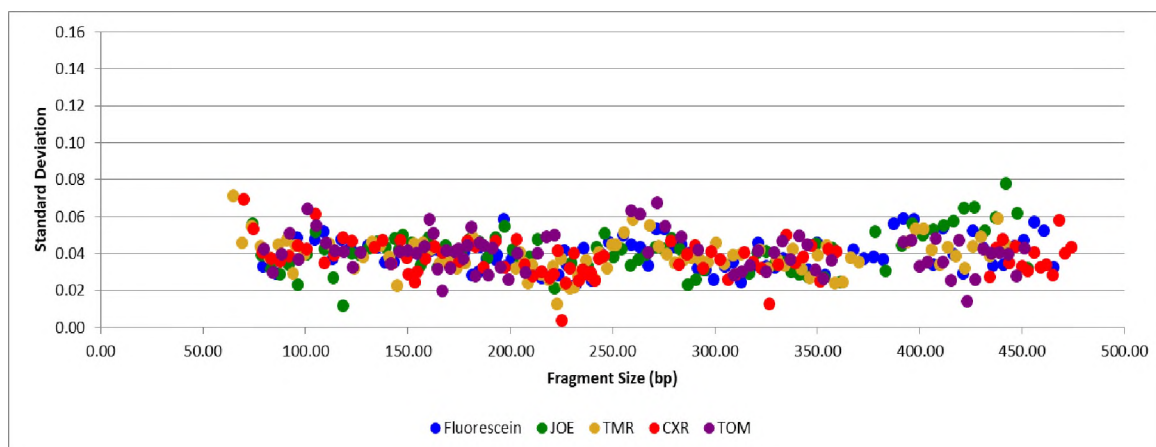


Рисунок №1: Точность системы VersaPlex™ 27PУ для десяти лестниц на Applied Biosystems® 3500xL с использованием впрыска 1,2 кВ, 24 секунды. Для каждого аллеля средний размер фрагмента (в основаниях) был сопоставлен со стандартным отклонением наблюдаемого среднего размера.

Для определения воспроизводимости (Reproducibility) был использован образец ДНК длиной 2800 мкм, поставляемый в наборе для амплификации VersaPlex™ 27PУ. В общей сложности шесть профилей

длиной 2800 м были оценены на трех усилительных пластинах на предмет соответствия, средних высот пиков и соотношения высот пиков. Два образца размером 2800 мкм с чувствительной пластины были исключены из анализа из-за некачественных инъекций. Каждый положительный контроль (2800 м) приводил к одному и тому же профилю.

Для **оценки загрязнения (Contamination Assessment)** был проведен отрицательный контроль для оценки присутствия экзогенной ДНК в реагентах и рабочем процессе. В общей сложности восемь отрицательных контрольных образцов были оценены на трех амплификационных планшетах. Отрицательный контроль, содержащий только компоненты набора Veraplex™ 27PY, амплифицировали на каждой амплификационной пластине. В общей сложности 17 пиков из одного отрицательного контрольного образца были определены с использованием аналитического порога 100 RFU. Все обнаруженные пики выше аналитического порога соответствовали извлечению из ILS и не загрязняли геномную ДНК (данные не показаны). Все остальные отрицательные контроли были лишены пиков, превышающих аналитический порог

Выводы Систему VersaPlex 27PY оценивали с использованием системы ПЦР ProFlex и запускали в соответствии с рекомендациями технического руководства по прямой амплификации ДНК с перфораторов карты памяти или мазков в реакционном объеме 12,5 мкл. Амплифицированный продукт прогоняли с помощью инъекции напряжением 1,2 кВ в течение 24 секунд на генетическом анализаторе Applied Biosystems® 3500xL. Для валидации с 25 циклами был выбран аналитический порог в 100 RFU в сочетании с 20%-ным глобальным фильтром. Для 25 циклов был определен стохастический порог в 200 RFU. Результаты показали, что система способна выдавать надежные и воспроизводимые результаты. Исследования, проведенные в рамках этой валидации, соответствуют критериям внутренней валидации и показали, что система VersaPlex™ 27PY подходит для прямой амплификации эталонных образцов в судебно-экспертных лабораториях ДНК.

Использованная литература:

1. VersaPlex™ 27PY System Technical Manual TMD055, Revision Date 4/19 from Promega Corporation; available at <https://www.promega.com/resources/protocols/technical-manuals/101/tmd055-versaplex-27py-system-for-use-on-the-applied-biosystems-genetic-analyzers-technical-manual/>

2. QТП 29.1-42 (1) Постановка прямой ПЦР образцов крови и буккального эпителия с использованием набора “VersaPlex™ 27PY System”.
3. Federal Bureau of Investigation (2020) Quality Assurance Standards for DNA Databasing Laboratories; available at <https://www.fbi.gov/file-repository/qas-audit-for-dna-databasing-laboratories.pdf/view>
4. Recommended Minimum Criteria for the Validation of Various Aspects of the DNA Profiling Process <https://enfsi.eu/wp-content/uploads/2017/06/Guidance-QCC-VAL-002.pdf>
5. International Organization for Standardization (2017) ISO/IEC 17025:2017 General Requirements for The Competence of Testing and Calibration Laboratories; available at <https://www.iso.org/standard/66912.html>
6. Scientific Working Group on DNA Analysis Methods (2016) Validation Guidelines for DNA Analysis Methods; available at <https://www.swgdam.org/publications>
7. SwabSolution™ Kit Technical Manual TMD037, Revision Date 4/21 from Promega Corporation; available at <https://www.promega.com/resources/protocols/technical-manuals/101/swabsolution-kit-protocol/>
8. Direct Amplification of DNA from Storage Card Punches and Swabs Using the VersaPlex™ 27PY System Application Note AN354, Revision Date 1/20 from Promega Corporation; available at <https://www.promega.com/resources/pubhub/applications-notes/an300/direct-amplification-of-dna-from-punches-and-swabs-using-versaplex-27py-system/>
9. VersaPlex™ 6C Matrix Standard Technical Manual TMD056, Revision Date 4/19 from Promega Corporation; available at <https://www.promega.com/resources/protocols/technical-manuals/101/tmd056-versaplex-6c-matrix-standards-technical-manual/>
10. Gill P, Gusma L, Haned H, Mayr WR, Morling N, Parson W, Prieto L, Prinz M, Schneider H, Schneider PM, Weir BS, DNA commission of the International Society of Forensic Genetics: Recommendations on the evaluation of STR typing results that may include drop-out and/or drop-in using probabilistic methods, Forensic Sci. Int. Genet. 6 (2012) 679–688.
11. Guidelines for the single laboratory Validation of Instrumental and Human Based Methods in Forensic Science Version 2.0 2014 http://enfsi.eu/wp-content/uploads/2017/06/Guidelines-for-the-single-laboratory-Validation-of-Instrumental-and-Human-Based-Methods-in-Forensic-Scienc_2014-version-2.0.pdf

DNK IDENTIFIKASIYASI TUSHUNCHASI. SUD EKSPERTIZASIDA QO‘LLANILADIGAN GENETIK MARKER TURLARI

Axmedov Baxodir Baxtiyarovich

*Adliya vazirligi huzuridagi X.Sulaymonova nomidagi Respublika sud ekspertiza
markazi Odam DNKsi sud biologik ekspertizasi laboratoriyasi yetakchi eksperti*

Annotatsiya: Shaxs identifikatsiyasi-sud ekspertizasining asosiy vazifalaridan biridir. Molekulyar-genetik markerlar va har bir shaxs uchun individual bo‘lgan DNK polimorfizmiga asoslangan uslubiyotlar sud ekspertizasining identifikatsiya bo‘yicha eng ishonchli va qulay yo‘nalishi bo‘lib qolmoqda.

Аннотация: Идентификации личности одна из главных задач судебной экспертизы. Молекулярно-генетические маркеры и методики основанные на полиморфизм ДНК, являющиеся индивидуальным признаком для каждого человека остаются одним из самых надежных и удобных направлений в области идентификации в судебной экспертизе.

Annotation: The concept of personal identification is one of the main tasks of forensic examination. Molecular genetic markers and techniques based on DNA polymorphism and being an individual feature for each person remain one of the most reliable and convenient areas in the field of identification in forensic science.

Kalit so‘zlar: DNK, identifikatsiya, genetik markerlar, HLA tizimi.

Ключевые слова: ДНК, идентификация, генетические маркеры, система HLA.

Keywords: DNA, identification, genetic markers, HLA systems.

DNK identifikatsiya tushunchasi bilan tanishishdan avval bu so‘z birikmasi tarkibidagi xap ikki so‘z bilan alohida tanishib chiqish maqsadga muvofiq.

Identifikatsiya(shaxs identifikatsiyasi)- bu tirik odam yoki murdaning qidirilayotgan shaxs bilan ma’lum bir individual biologik yoki boshqa fizik xususiyatlarini mosligiga ko‘ra aynan birligini aniqlashga qaratilgan jarayon.

Sud ekspertlik identifikatsiya bu ekspert tomonidan maxsus bilimlar asosida ob‘ektning guruh (umumiy) mansubligini yoki shaxsini aniqlash maqsadida amalga oshiriladigan identifikatsiya tadqiqotining turi tushuniladi.

Molekulyar-genetik identifikatsiyasining asosni 2 asosiy prinsip tashkil etadi. Bular har bir organizmlarning genetik o‘ziga hosligi va organizmdagi har bir hujayra va to‘qimaning genetik identikligidir[6]. Bu ikki prinsiplar esa DNK molekulasining kimyoviy tuzilishi, fizik hossalari va ma’lumotlarni saqlash o‘ziga hos bo‘lgan biologik kodlardan foydalanilishi bilan asoslanadi.

Dezoksiribonuklein kislota (DNK) —Organizmdagi ikki asosiy nuklein kislotalardan biri. Tarkibida pentoza vakili bo‘lgan dezoksiriboza, azot asoslaridan adenin (A), guanin(G), sitozin (S) va timin (T) hamda fosfat kislota qoldig‘idan tashkil topgan bo‘ladi. Barcha tirik organizmlar hujayrasida bo‘lgani kabi odamning ham deyarli hamma hujayralarda uchraydi. Organizmlarda irsiy belgilarni saqlash va nasldan-naslga o‘tkazish uning asosiy vazifasi hisoblanadi. DNK ning nukleotid ketma-ketligi, uning birlamchi strukturasi har bir organizm uchun o‘ziga xos va qat’iy individual bo‘lib, biologik informatsiyaning o‘ziga hos biologik kod shaklda saqlaydi. DNK molekulasini qo‘sh spirall hosil qiluvchi ikkita polinukleotid zanjirdan tashkil topgan va har ik-kala zanjir bir umumiy o‘q atrofida birlashadi. Zanjirning har bir halqasi oraliq masofasi 34 A ga teng bo‘lgan 10 ta nukleotiddan tashkil topgan. Polinukleotid zanjirlarning pentoza fosfat guruhlari spiralling tashqi tomonida, azot asoslari esa ichki tomonida joylashgan fazoviy strukturaga ega. Polinukleotid zanjirlar bir-biriga nisbatan teskari yo‘nalgandir. DNKning bir zanjiridagi nukleotidlarning ketma-ketligi, ikkinchi zanjirdagi nukleotidlarning ketma-ketligiga komplementar (to‘ldiruvchi) hisoblanadi. Odamda yadrodan tashqari DNK mitoxondriya tarkibida ham uchraydi hamda sud ekspertiza tadqiqotlarining muhim obyektlaridan biri hisoblanadi. Shaxsga qarshi jinoyatlar, shuningdek noma’lum shaxs murdasi aniqlangan holatlarda shaxs identifikatsiya masalasi muhim ahamiyatga ega hisoblanadi. Bunday vaqtda shaxsni daktiloskopik aniqlash imkoni bo‘lmasa molekulyar genetik usullar, ya’ni DNK identifikatsiyasi orqali noma’lum shaxs kimligiga aniqlik kiritiladi. DNK molekulasini tadqiq qilish orqali shaxs identifikatsiyasi biologik qarindoshlik tushunchasi bilan chambarchas bog‘liq. Deyarli barcha davlatlarda bo‘lgani kabi bizning ham Respublikamizdagi aholining genetik pasportlari yaratilmaganligi sababli, genetik profilning aniqlanishi hali shaxsning identifikatsiyasi yakunlanganligini bildirmaydi. Bunday hollarda qiyosiy solishtirma namunlar sifatida qiziqtirayotgan shaxsning yaqin qarindoshlari bo‘lgan shaxslar: ota-onasi, farzandlari, aka-ukalar va opa-singillar biologik namunlari(odatda qon yoki so‘lak) taqdim etiladi. Bunday yo‘l bilan tasdiqlangan biologik qarindoshlik konkret shaxsning identifikatsiya qilishga olib keladi.

Yuqorida aytilganidek odamning tashqi ko‘rinishi, fiziologiyasi, psixikasi va irsiy kasalliklari keyingi avlodlarga DNK orqali irsiylanadi. Har bir hujayrada DNKning ikki hil turi bo‘ladi: irsiy malumtolarning juda katta qismini saqlovchi yadroviy DNK va umumiy nasliy malumotlarni 0,2% saqlovchi mitoxondrial DNK. Hozirgi zamon sud ekspertlik tadqiqotlarida foydalaniladigan markerlar ham aynan shu ikki hil DNK turidan kelib chiqqan. Ta’kidlash lozimki, yadro DNK markerlari ham bir necha turga bo‘linadi.

Yadro DNK markeri

DNKning o'ziga xos ketma-ketliklari organizmning barcha genlarini, ya'ni nukleotid ketma-ketligida ma'lum bir genetik axborot kodlangan DNK qismlarini o'z ichiga oladi. Genom DNKsining o'ziga xos polimorfizmi bir lokus turli allellari nukleotid ketma-ketliklaridagi farq bilan izohlanadi. Polimorfizmning bunday turi *nukleotid ketma-ketligidagi polimorfizm* deb nomlanadi.

Ekspertiza amaliyotida serologik usullar (masalan, AVO qon guruhi tizimi) bilan tekshiriladigan genetik markerlar belgilarini kodlaydigan DNK maydonlari mazkur polimorfizm turi bilan izohlanadi.

DNKning ko'p marta takrorlanuvchi qismlari genomda ko'p marta tandem ravishda takrorlanuvchi ketma-ketliklari, ya'ni tandem takrorlanishlar ko'rinishida joylashgan bo'lib, ular tuzilishi bo'yicha bir-biriga o'xshash yoki aynan bir xil bo'lishi mumkin. Tandem takrorlanishlar qismlari yuqori darajadagi polimorfizmga ega bo'lib, ular takrorlanuvchi birliklar domiy emasligi bilan xarakterlanadi, bu esa bir lokusdagi allellar uzunligi bo'yicha bir-biridan farqlanadi. Bunday polimorfizm turi *uzunlik polimorfizmi* deb nomlanadi[3].

Tandem takrorlanishlar lokuslari ikki guruhga bo'linadi:

– *minisatellitlar* yoki VNTR-lokuslar (Variable Tandem Repeat-o'zgaruvchan tandem takrorlanishlar soniga ega bo'lgan lokus) bo'lib, ular 10 tadan 60 tagacha bo'lgan nukleotid juftliklaridan iborat bo'lgan uzunlikka ega bo'ladi[1];

– *mikrosatellitlar* yoki STR lokuslar (Short Tandem Repeat-qisqa tandemli takrorlanish lokuslari) 4 tadan 30 tagacha bo'lgan nukleotid juftligidan iborat bo'ladi[1];

DNKning kriminalistik tekshiruvlarining rivojlanish jarayonida VNTR-lokuslardan genetik markerlar sifatida foydalanish ularning samaradorligining va ishonchlilik darajasining pastligini ko'rsatdi.

Somatik xrosomalarda joylashgan markerlar uchun yaratilgan to'plamlar. Bular odam jinsidan qat'iy nazar hamma uchun bir hilda joriy etish mumkin bo'lgan markerlardir. Masalan, Microreader™ 28A Direct ID System, VersaPlex™ 27PY System, Investigator 26plex va hokazo. Laboratoriya tashkil etilgan vaqtdagi to'plarlardagi markerlar soni 6-8tani tashkil etgan bo'lsa, hozirgi zamonaviy markerlar to'plamidagi tahlil qilish mumkin lokuslar soni 30ga yaqinni tashkil qiladi va ularning soni yildan-yilga oshib bormoqda.

Ядро ДНК маркерларинг яна бир тури бу ирсий хромасомалар (X ва Y хромасомалар) да жойлашган локусларни таҳлил қилиш имконини беради.

Y-xromosoma markeri.

Odam Y-xromosomasi 59 milliondan ortiq nukleotid juftligiga ega bo'lib, hujayra yadrosidagi umumiy DNKning deyarli 2 % ini tashkil etadi. Y-xromosoma 23 oqsilni kodlaydigan 86 dan ortiq genni o'z ichiga oladi. Y-xromosomadagi eng

ahamiyatli bo'lgan gen *SRY* geni bo'lib, u organizmning erkak jinsi bo'yicha rivojlanishini genetik jihatdan ta'min etadi[8].

Y-xromosomaning asosiy biologik funksiyasi-jinsni belgilash bo'lib, u *SRY* (*sexdetermining region Y*)-genining ta'siriga ko'ra bajarib, uning vazifasi urug'donlar rivojlanishiga javob beradigan genlar transkripsiyasini boshqarish hisoblanadi. Uzoq vaqtlar davomida Y-xromosomaning gen va genetik markerlari kam degan fikr ilgari surilar edi. *SRY* genidan tashqari Y-xromosomada faqatgina spermatogenezda ishtirok etuvchi bir nechta genlargina joylashganligi aniqlangan edi. Biroq so'nggi yillarda Y-xromosoma bilan birikkan ko'plab genlar mavjudligi aniqlandi, ularning ko'pchiligi fundamental hujayra jarayonlarida ishtirok etadi.

Y-xromosoma o'z xususiyatlaridan kelib chiqqan holda odam genomidagi eng sirli va paradoksal xromosoma bo'lib hisoblanadi. Jins determinatsiyasini aniqlash vazifasi bilan birga Y-xromosomaning gaploidligi va ota avlod bo'yicha irsiylanishi uning genetik o'ziga xosligini belgilaydi. Birichidan, bu xromosoma hujayrada doimiy ravishda gaploid xolatda bo'ladi, ikkinchidan rekombinatsiyada ishtirok etmaydi (katta bo'lmagan psevdautosom qismlaridan (*PAR-Pseudo Autosomic Region*) tashqari). Y-xromosomaning rekombinatsiyaga uchramaydigan qismining (*NR1-Non Recombinant Y-autosome*) genetik variabelligi faqatgina mutatsion jarayon orqali aniqlanadi. Bir ota avlodning bir necha o'n bo'g'inidan bittasida mutatsion jarayonning namoyon bo'lishi ota avlod bo'yicha genetik o'ziga xosligini uzoq muddat davomida saqlashini ko'rsatadi, bu esa insoniyatning erkak genlari majmuasini molekulyar evolyusiyasini aniq rekonstruksiya qilish imkoniyatini beradi. Y-xromosoma liniyasi ona avlod bo'yicha o'zaro qarindoshlikni aniqlovchi mtDNK liniyasining analogi bo'lib hisoblanadi. Lekin o'lchami 16 ming nukleotid juftidan iborat bo'lgan va nuqtaviy mutatsiyalar kuzatiladigan mtDNKdan farqli ravishda, Y-xromosoma polimorfizm makoni bo'lib hisoblanadi, bu esa uni yanada axborotga boy qiladi.

Y-xromosomaning X-xromosoma bilan rekombinatsiyasi uning umumiy uzunligining 5% ini tashqil qiladigan uchki qismlarida amalga oshadi. Shu tariqa, Y-xromosoma o'zgarmas holda otadan o'g'il farzandlarga va avloddan avlodga berib boriladi. Qayd etilgan xususiyatlar Y-xromosomadagi genetik markerlarni shaxs identifikatsiyasi (masalan, jins bilan bog'liq bo'lgan jinoyatlarni tergov qilishda) va ota avlod bo'yicha qarindoshlikni aniqlashda qo'llanilishi mumkinligini ko'rsatadi.

Bugungi kunda Y-xromosomaning 200 dan ortiq STR lokuslari aniqlangan bo'lib, ularning ba'zilar xromosomada 2 va hatto 3 nusxadan joylashgan[7].

X-xromosoma markeri

X xromosoma insonning ikkita jinsiy xromosomalaridan biridir. Jinsiy xromosomalar har bir hujayradagi 23 juft odam xromosomalaridan birini tashkil qiladi. X xromosoma 155 million nukleotiddan iborat va hujayralardagi umumiy DNKning taxminan 5 foizini tashkil qiladi. Ularda 900 ga yaqin gen mavjud.

X xromosomasi Y xromosomada yoki autosomalardan xech birida yo'q ko'plab xususiyatlarga ega. Uning o'ziga xos strukturaviy xususiyatlari evolyutsiya bilan shakllangan, natijada hozirgi vaqtda ma'lum bo'lgan jinsga xos genetik farqlar mavjud.

X-xromosomada joylashgan markerlardan autosomal ma'lumotni to'ldirish uchun yoki standart otalik testi bilan noaniq yoki zaif statistik natijalarini berganda foydalanish mumkin. Avtosomalar bilan solishtirganda, X-xromosomada joylashgan markerlar triolarda, ota-qiz duetlarida va ona-o'g'il duetlarida katta statistik ahamiyatga ega. X-xromosomada joylashgan markerlar ota-o'g'il duyetida ma'lumot bermaydi va ona-qiz duetlari uchun autosomal markerlar bilan bir xil statistik ma'lumot beradi. Шунингдек, X-xromosomal tadqiqotlar murakkab inest holatlarida juda katta ma'lumot bera oladi.

Mitoxodrial DNK markerlari

Har bir hujayrada bir necha yuzlab mitoxondriyalar mavjud bo'lishi mumkinli sababli, nazariy jihatdan mitoxondrial genlarning nusxalari xromosomal genlar nusxasidan bir necha barobar ko'p bo'ladi. Ehtimollar nazariyasiga ko'ra, hajmining kichikligi va yopiq halqasimon tuzilishi sabab Mitoxodrial DNKning tashqi va ichki muhitning fizik, kimyoviy va biologik letal bo'lgan faktorlariga nisbatan saqlanib qolish imkoniyati yadroviy DNKga nisbatan yuqori bo'ladi. Shu sababdan qadimgi suyak qoldiqlari analizi asosan mitoxondrial DNK markerlari tahlil qilish orqali olib boriladi. Uning yana bir o'ziga xos xususiyati shundaki, Mitoxodrial DNK faqatgina onadan farzanlariga o'tadi[7]. Buning ilmiy va sud ekspertlik ahamiyati shundaki, Mitoxodrial markerlar orqali ona avlod bo'yicha irsiy shajarani hosil qilish mumkin.

HLA tizimi markerlar

Odam leykotsit antigenlari yoki asosiy to'qimalar mosligi tizimi(ing. HLA, Human Leukocyte Antigens)-odamlardagi to'qimalar o'zaro mosligini ta'minlovchi asosiy antigenlar guruhini tashkil etuvchi tizimdir. Immun tizimining eng muhim qismi bo'lgan bu tizim odamning 6-xromasomasida joylashgan bo'lib, 150 dan ortiq genlardan tashkil topgandir[5].

HLA tizimi 3 ta sinfdan tashkil topgan bo'lib, ular lotin sonlari bilan belgilanadi va har biri organizmda ma'lum o'xshash vazifalarni bajaradi. I-sinf HLA tarkibiga HLA-A, HLA-C i HLA-B genlar guruhi va ularning turli modifikatsiyalar kiradi. Bu genlar hujayralarning bir birini o'zaro tanib olish va to'qima hosil qilishda eng muhim bo'lgan oqsillar biosintezida ishtirok etadi. I-sinf HLA genlari yuqori

aniqlikni ta'minlash zarur bo'lgan to'qima va organlar transplantologiyasida donor-retsipiyentlarni o'zaro mosligi aniqlash uchun foydalaniladi. II-sinf HLA tarkibiga HLA-DR, HLA-DQ i HLA-DP genlar guruhi va ularning turli modifikatsiyalar kiradi[9]. Ulardagi ba'zi polimorfizmlar organizmdagi turli hil autoimmun kasalliklarning kelib chiqishining asosiy sabablari sifatida keltiriladi. Shuningdek, bu genlar er-xotin juftligidagi bepushtlikning sabablaridan biri sifatida tibbitda keng o'rganiladi. III-sinf HLA asosan yuqoridagi ikki sinfda joylashgan genlarni boshqarish vazifasini bajaradi va polimorfizmi kuchsiz bo'lganligi sababli sud-ekspertiza tadqiqotlari uchun foydalanilmaydi.

Xulosa

Zamonaviy molekulyar genetika faning rivojlanishi sud ekspertiza tadqiqotlari imkoniyatlarini yildan-yilga oshirib bormoqda. Genetik identifikatsiya yuksak fundamental ilmiy asosga egaligi va uslubiyotlarining butun dunyoda standartlashtirilganligi bilan boshqa ekspertiza turlariga nisbatan orqali shaxsni identifikatsiya qilish yo'nalishi bo'yicha mutlaq ustunlikka egadir.

Markerlarning yana bir turi bo'lgan SNP markerlar ham mavjud bo'lib, hozirda asosan ilmiy ahamitga ega bo'lganligi hamda molekulyar genetik ekspertiza tadqiqotlarida hozircha keng qo'llanilmaydi.

Foydalanilgan adabiyotlar ro'yxati

1. Jarne P., Lagoda P. J. L. Microsatellites, from molecules to populations and back (англ.)// Trends in Ecology & Evolution : журнал. – Amsterdam, The Netherlands: Elsevier Science Publishers B. V., 1996. - Vol. 11, no. 10. – P. 424-429. – ISSN 0169-5347. – doi:10.1016/0169-5347(96)10049-5. – PMID 21237902
2. Kashi Y., King D., Soller M. Simple sequence repeats as a source of quantitative genetic variation (англ.)// Trends in Genetics : журнал. — Amsterdam, The Netherlands: Elsevier Science Publishers B. V., 1997. — Vol. 13, no. 2. — P. 74—78. — ISSN 0168-9525. — doi:10.1016/S0168-9525(97)01008-1. — PMID 9055609
3. López-Flores I., Garrido-Ramos M. A. The repetitive DNA content of eukaryotic genomes // Garrido-Ramos M.A. Genome Dynamics. — 2012. — T. 7. — С. 1-28. — ISBN 978-3-318-02149-3. — doi:10.1159/isbn.978-3-318-02150-9.
4. Nicklas JA, Buel E. Simultaneous determination of total human and male DNA using a real-time PCR assay. J Forensic Science. 2006;51(5):1005-1015. <https://doi.org/10.1111/j.1556-4029.2006.00211.x>
5. А. Я. Бекиш, О.-Я. Л. Бекиш. Медицинская биология и общая генетика. — 3-е изд. — Витебск: Издательство ВГМУ, 2018. — С. 222-224. — 420 с. — [ISBN 978-985-466-924-3](https://doi.org/10.1111/j.1556-4029.2006.00211.x)].

6. Генетика и криминалистика. URL: <http://unnatural.ru/>
7. Дымышиц Г. М. Сюрпризы митохондриального геном // Природа. 2002. № 6
8. Евстропов Владимир Михайлович. Методы определения генетической идентичности биологических объектов. журнал Главный врач №5 2020 год УДК: 62.91: 612.112
9. Бородин П.Е., Войцеховский В.В., Бородин Е.А. От молекулярной биологии к молекулярной и персонифицированной медицине, медицине XXI века. Амурский медицинский журнал. 2016. № 1 (17). С. 68– 73.

ODAM MOLEKULAR GENETIK MA'LUMOTLARI ASOSIDA POPULYATSION KELIB CHIQISHINI ANIQLASH

Saitova Niyora Sobirjonovna

X. Sulaymonova nomidagi Rsem Sud-ekspertlik ilmiy-tadqiqot institutining Sud-tibbiy, psixiatriya, psixologik va biologik ekspertizalari ilmiy tadqiqot bo'lim boshlig'i

Hozirgi zamon biologiya fanining, xususan, molekulyar genetika va gen muhandisligi sohasining juda tez rivojlanayotganligi odamning alohida identifikatsiya belgilarini bevosita DNKsi (*dizoksiribonuklein kislotasi*) bo'yicha tekshiruvlarni olib borib, turli masalalarni hal qilish imkonini bermoqda. Har bir odamning DNKsi o'ziga xos, takrorlanmas (bir tuxum egizaklarini hisobga olmaganda) alohida tuzilishga ega ekanligi juda yuqori aniqlik bilan identifikatsiya qilish imkoniyatini bermoqda. Shu sababli ham ayni vaqtda DNK ekspertizasi jinoyatchilikni ochishda, voqea joyida qoldirilgan izlarni identifikatsiya qilishda, shaxsi noma'lum murdalarning shaxsini aniqlashda, nizoli qarindoshlik kabi masalalarni hal etishda juda dolzarbdir.

Ayni shu masalalarni hal qilishda butun dunyoda DNK ekspertizasi tadqiqotlariga bo'lgan ahamiyat kuchayib bormoqda.

Ammo, odam DNKsi sud-biologik ekspertizasi tadqiqotlari davomida nafaqat biologik qarindoshlikni, biologik izlarning identifikatsiyasini balki **biologik namuna egasining populyatsion kelib chiqish bo'yicha** savollarga ham javob berishi mumkinligini e'tibordan chetda qoldirmasligimiz lozim.

Insonning kimligi, qayerdan kelib chiqqanligi, ajdodlarining tarqalish joyi haqida ko'proq ma'lumotga ega bo'lish istagi ertami-kechmi deyarli har bir kishi hayolidan o'tadi. Afsuski, buni bilish qiyin bo'lishi mumkin. Bizning davrimizda insonlar o'z tarixini uch-to'rt avloddan ko'ra chuqurroq bilmaydi. Ko'pchilik genealogik tadqiqotlarni o'zlari bilishga harakat qilishadi yoki bunday qidiruvlarni professional tarixchilar va arxivchilarga ishonishadi. Ammo hujjatlar asosidagi tuziladigan **genealogik daraxt qay darajada** haqiqatga yaqin bo'lishi mavhum.

Xo'sh etnik kelib chiqish, millat nima?

Etnik kelib chiqishi yoki millat genetika bilan emas, balki ko'proq madaniy me'yorlar bilan belgilanadi. Shuning uchun ma'lum bir madaniy muhitda o'sgan odam o'zini bir xalqqa, ota-bobolarining haqiqiy kelib chiqishi esa boshqacha bo'lishi mumkin. Shuning uchun olimlar populyatsiyalar-ko'p avlodlar davomida mavjud bo'lgan va nikohlarning yarmidan ko'pi guruh ichida bo'lgan guruhlar haqida gapirishadi.

Populyatsiyani geografik va etnik xususiyatlar bilan aniqlash osonroq, chunki odatda yaqin atrofda yashovchi o'sha guruh vakillari bilan nikohlar amalga oshiriladi. Aksariyat xalqlar populyatsiya hisoblanadi. Biroq, nikohlarning 50% dan ortig'i boshqa guruh vakillari bilan bog'liq xalqlarni populyatsiyaga kiritish mumkin emas.

Odam DNKsi turli davrlardagi ajdodlar populyatsiyalari, yaqin vaqt oralig'ida hamda yuzlab yillar oldin yashagan insonlar haqidagi ma'lumotlarni olib yurishi mumkin. Ularning qaysi populyatsiyalar ekanligini aniqlash uchun foydalanuvchi xromosomalarining hududlari turli guruhlar vakillarining namunalari bilan taqqoslanadi.

Ayni damda DNK ekspertizasi tadqiqotlari davomida yadroviy DNK, mitoxondrial DNK va Y xromosoma markerlaridan foydalanib kelinmoqda.

Ko'pchilikda populyatsiya tarkibini aniqlash uchun faqat **Y xromosomasi va mitoxondrial DNK tahlil qilinadi** degan noto'g'ri tushuncha mavjud. Ya'ni, ayollar uchun populyatsiya tarkibini faqat ona avlod, erkaklar uchun esa faqat ota avlod bo'yicha aniqlash mumkinmi?

Aslida unday emas. Ushbu ma'lumotlarga ko'ra, siz faqat gaplogruppalar haqida ma'lumot olishingiz mumkin, ammo ular ma'lum populyatsiyalarga tegishli emas. Masalan, ruslarda keng tarqalgan R1a gaplogruppa G'arbiy va Sharqiy slavyanlar, shuningdek, Shimoliy Hindiston populyatsiyalari orasida keng tarqalgan.

Populyatsiyani **bitta gaplogruppa bilan bog'lash mumkin emas**, chunki, qoida tariqasida, unda boshqalar ham keng tarqalgan. Biroq, ular aholining shakllanish tarixini tushunishga yordam beradi.

Bu kabi tadqiqotlarda DNK zanjiri butunligicha taqqoslanmaydi, balki uning alohida qismlari solishtiriladi. Ularning har biri uchun bazadan eng yaqin namuna tanlanadi. Ba'zi joylar bir-biridan farq qiladigan populyatsiyalarda o'xshash bo'lishi mumkinligi sababli, ma'lumotlar qo'shimcha tekshiruvdan o'tkaziladi.

Populyatsion kelib chiqish testi inson genomini qaysi etnik guruhlariga mos kelishini aytib beradi. Tadqiqotlar davomida yuz minglab markerlarni tahlil qilish orqali sizning ota-bobolaringiz qaysi populyatsiyalarga (etnik guruhlariga) tegishli ekanligini aniqlanishi mumkin. Genetik testlarda bitta nukleotid polimorfizmlari (*SNP, yagona nukleotid polimorfizmi, bitta nukleotid polimorfizmi, bitta nukleotid o'lchamidagi DNK ketma-ketligidagi farqlar*) va qisqa tandem takrorlanishlar soni (*STR, qisqa tandem takrorlash, qisqa nukleotidlar ketma-ketligi, bir necha marta takrorlangan*) bo'yicha o'tkazilishi mumkin. Kelib chiqishi to'g'risida xulosalar chiqarish uchun genetik DNK tahlili inson ma'lumotlarini ajdodlari bir necha avlodlar davomida o'z mintaqalarini tark etmagan ma'lum bir etnik guruhga mansub odamlar bilan taqqoslash yo'li bilan o'tkaziladi.

Har qanday odamning genetik xususiyatlarini mos ma'lumotlar bilan taqqoslanib, ularning genomida iz qoldirgan xalqlar to'g'risida xulosa chiqarish mumkin. Etnik tarkibni aniqlashning aniqliq darajasi bir necha omillarga bog'liq. Turli qit'alar aholisini bir-biri bilan genetik taqqoslash, masalan, yevropaliklar, ispaniyaliklar, osiyoliklar, afrikaliklar 99% aniqlikka erishadilar. Buning sababi DNK ketma-ketlikdagi markerlarining farqlaridadir. Populyatsiyalarning o'xshashligi, yaqinligi qanchalik katta bo'lsa, bioinformatik algoritmnining aniqligi shunchalik past bo'ladi.

Shunga asosan, har bir inson o'zining populyatsion, ya'ni etnik kelib chiqishini bilish, ajdodlari tarqalish joyiga aniqlik kiritish, turli afsonalarga barham berish uchun genetik tahlil o'tkazishi darkordir.

Ayni damda Adliya vazirligi huzuridagi X.Sulaymonova nomidagi Respublika sud ekspertiza Markazining Odam DNKsi sud biologik ekspertizasi laboratoriyasida biologik obyektlarning molekulyar genetik tadqiqotlar uchun yaroqliligini aniqlash, ekspertiza tekshiruvini uchun taqdim etilgan ashyolardagi biologik izlarni kimdan kelib chiqqan ekanligini aniqlash, birinchi darajadagi (biologik otalik va onalik faktlarini aniqlash) hamda ikkinchi va uchinchi darajadagi qarindoshlik (biologik aka-uka, opa-singil, doda(buvi)-nabira o'rtasidagi munosabatlar, ota avlod bo'yicha qarindoshchilikni aniqlash va boshqalar) faktlarini aniqlash bilan bir qatorda shaxsning populyatsion kelib chiqishini aniqlashi mumkin.

Shu o'rinda aytib o'tish kerakki, X. Sulaymonova nomidagi Respublika sud ekspertiza markazida Y-xromasoma orqali ota avlod bo'yicha qarindoshlik (ota-o'g'il, amaki-jiyan, bobo-nabira, aka-uka)ni aniqlash va populyatsion kelib chiqishni aniqlashga doir ekspertiza hamda mutaxassis fikri tadqiqotlari amalga oshirib kelinmoqda. Agar o'zingizning populyatsion kelib chiqishingiz haqidagi ma'lumotlarni bilishga qiziqsangiz Markazimizga murojaat qilishingiz mumkin.