УДК 343.983.7

ОЦЕНКА ПРИГОДНОСТИ ДЛЯ ИДЕНТИФИКАЦИИ ДНК, ВЫДЕЛЕННОЙ ИЗ ПОТЕНЦИАЛЬНЫХ НОСИТЕЛЕЙ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ ИНФОРМАЦИИ ПРИ ПРОВЕДЕНИИ КРИМИНАЛИСТИЧЕСКОГО ДНК-АНАЛИЗА

Валерия Владимировна Лавелина
Московский университет МВД России имени В. Я. Кикотя, Москва, Россия, lavelinavalery@icloud.com

Аннотация. В статье рассмотрены ключевые организационные и методические аспекты оценки пригодности потенциальных носителей генетической информации как отдельного этапа при проведении ДНК-анализа. Особое внимание автор уделяет специфике проведения генетического идентификационного исследования ДНК, являющегося основной целью изучения наследственных признаков человека. Подчеркивается взаимосвязь установления пригодности выделенной ДНК для проведения сравнительного генетического анализа с дальнейшим установлением тождества (либо его отсутствия) между исследуемыми объектами. Изложен алгоритм процесса нормализации ДНК, проводимой с учетом комплексного анализа качественно-количественных характеристик исследуемого объекта и особенностей конкретной экспертной ситуации. Отмечается важность данного этапа экспертного исследования, обусловливающего подготовку информационно значимой нуклеотидной последовательности к реакции амплификации (полимеразной цепной реакции – ПЦР), результаты аллельных сочетаний которой являются искомыми данными (признаками), используемыми в ходе дальнейшего сравнительного анализа.

Ключевые слова: генетическая идентификация, биологические следы, нормализация ДНК, пригодность объектов исследования, анализ ДНК, сравнительный анализ

Для цитирования: Лавелина В. В. Оценка пригодности для идентификации ДНК, выделенной из потенциальных носителей генетической информации при проведении криминалистического ДНК-анализа // Судебная экспертиза. 2025. № 3 (83). С. 135–145.

ASSESSMENT OF THE SUITABILITY FOR IDENTIFICATION OF DNA ISOLATED FROM POTENTIAL CARRIERS OF GENETIC INFORMATION DURING CRIMINAL DNA ANALYSIS

Valeria Vladimirovna Lavelina
Kikot Moscow University of the Ministry of Internal Affairs of Russia, Moscow, Russia, lavelinavalery@icloud.com

© Лавелина В. В., 2025

Abstract. The article discusses the key organizational and methodological aspects of assessing the suitability of potential carriers of genetic information as a separate stage in conducting DNA analysis. The author pays special attention to the specifics of conducting genetic identification studies of DNA, which is the main purpose of studying human hereditary traits. The article emphasizes the interdependence of the process of establishing the suitability of isolated DNA for conducting comparative genetic analysis, which ensures the possibility of further establishing the identity (or lack thereof) between the objects under study. The author pays special attention to the presentation of the algorithm for DNA normalization, which is carried out taking into account a comprehensive analysis of the qualitative and quantitative characteristics of the object under study and the specific features of the expert situation. The importance of this stage of expert research is noted, as it determines the preparation of an informative nucleotide sequence for the amplification reaction (polymerase chain reaction – PCR), the results of which are the sought-for data (features) used in further comparative analysis.

Keywords: genetic identification, biological traces, DNA normalization, suitability of research objects, DNA analysis, comparative analysis.

For citation: Lavelina V. V. Assessment of the suitability for identification of DNA isolated from potential carriers of genetic information during criminal DNA analysis. Forensic Examination, 135–145, 2025. (In Russ.).

Технологии ДНК-анализа, появившиеся в конце XX в., благодаря научному симбиозу знаний из медицины, генетики, химии нашли достойное место в криминалистике, позволив решать идентификационные задачи при расследовании тяжких и особо тяжких преступлений [1]. Результативность экспертиз ДНК сегодня в незначительной мере уступает дактилоскопическим исследованиям. Только в 2024 г. подразделениями Экспертно-криминалистического центра МВД России (далее – ЭКЦ) было проведено более 83,5 тыс. дактилоскопических экспертиз, результативность которых составила 64 %. За тот же период генетическими лабораториями данного ведомства выполнено более 78,9 тыс. исследований, которые в 77 % случаях способствовали раскрытию и расследованию преступлений[1]. Такие показатели наглядно демонстрируют весомый вклад судебной генетики в решение правоохранительных задач государства.

ДНК (дезоксирибонуклеиновая кислота), носитель генетической информации любого живого организма, – это длинная полимерная молекула, состоящая из повторяющихся блоков – нуклеотидов[2]. Нуклеотиды несут в себе наследственные признаки, совокупность которых специфична для каждого живого организма. Такая особенность дает возможность идентифицировать организм по любым его производным (следам).

[1] Статистический отчет о деятельности ЭКЦ МВД России за 12 месяцев 2024 г. // ИМТС МВД России. URL: http://mvd.10.5.0.16 (дата обращения: 14.01.2025).

[2] Что такое судебная молекулярно-генетическая экспертиза. URL: https://sud-expert.pro/blog/sudebnaya-molekulyarno-geneticheskaya-ekspertiza-obektov-biologicheskogo-proishozhdeniya-obrazovanie-eksperta-czeli-zadachi-i-metody-ekspertizy/ (дата обращения: 14.07.2025).

Индивидуальная специфичность молекул ДНК способствует тому, что при проведении одного исследования можно установить множество признаков, которые позволяют с большой долей вероятности устанавливать происхождение следа от конкретного лица, а также биологическое родство, половую принадлежность исследуемых объектов [2].

Развитие и совершенствование методов криминалистического ДНК-анализа способствует тому, что современная технология исследования ДНК позволяет изучать такие потенциальные носители генетической информации, как практически все ткани и биожидкости организма человека, содержащие ДНК, микроколичества биоматериала, смешанные следы.

Следует также отметить, что, в отличие от дактилоскопического направления криминалистической техники, достаточно разработанной теоретически и методически, исследование ДНК проходит период становления ввиду продолжения изысканий в сфере генетики, расширения арсенала инструментальной базы, совершенствующейся по мере стремительного развития современных цифровых технологий. В настоящий момент подходы в данной области криминалистики довольно неоднозначны и нуждаются в стандартизации.

Например, до сих пор разнятся критерии наследственных признаков, положенные в основу оценки количественного показателя аллельных сочетаний, необходимых для формулирования категоричного вывода исследования, также различаются подходы математической интерпретации данных результатов в лабораториях различных ведомств, осуществляющих геномную идентификацию. Такие расхождения предопределяют наличие неоднозначных суждений при оценке инициаторами выводов заключений генетических исследований вещественных доказательств.

Основной целью криминалистической, в том числе генетической идентификации является установление связей между следами преступления и личностью преступника, поэтому утрата (либо недоверие со стороны органов правосудия) ценной доказательственной информации чревата безнаказанностью и рецидивностью [3].

Криминалистическая идентификация является составным элементом криминалистической теории, развитие которой в нашей стране началось еще в 1940-е гг. В ее основе лежат философские категории тождества объектов и явлений материального мира, их обусловленности, взаимосвязи и взаимозависимости.

Понятийный контекст «криминалистической идентификации» неоднозначен. С одной стороны, он включает в себя цель, задачу и результат исследования («объект идентифицирован»), с другой – характеризует сам процесс, алгоритм выполняемых в определенной последовательности действий. Но есть и третий аспект, который под «криминалистической идентификацией» определяет метод познания, некую теоретическую концепцию, представляющую собой учение об общих принципах и приемах отождествления материальных объектов как способа установления истины по делу [4].

На данной теории основана и криминалистическая идентификация, которая дает возможность сопоставлять на первый взгляд абсолютно неродственные вещи (например, предмет и оставленный им след или образец крови с обнару-

женными костными останками), находя при этом признаки, на сходстве или различии которых формируется результат исследования.

Говоря о возможностях криминалистического исследования биологического материала, стоит отметить тот факт, что практически до конца XX в. вопрос его сравнения решался лишь с диагностических позиций (установления и сравнения групповых антигенов[1]). С учетом развития научных основ генетики стало возможным изучение биологического материала на микроуровне сравнительного анализа наследственных признаков. Иными словами, как отмечает Т. Ф. Моисеева, исследование ДНК основано «на инновационных подходах к криминалистическому изучению биологического материала с учетом не только внешних, но и внутренних свойств объектов – состава и строения вещества, из которого они состоят» [5, с. 210]. Таким образом, расширились возможности идентификационного анализа данных криминалистических объектов, коренным образом изменившие отношение правоохранительных структур к исследованию биологического материала с учетом вновь раскрывшихся научных, технических и методических возможностей.

Признаком генетических объектов, на сравнении которых основана идентичность (тождественность) с лицом, их оставившим, является совокупность аллельных сочетаний в локусах[2], каждый из которых в отдельности встречается и у других людей, но в искомой комбинации повтор сводится к нулю[3]. Так, независимо от количества людей, оставивших следы слюны (например, на окурках), в ходе исследования ДНК при наличии сравнительных биологических образцов можно точно определить, кому конкретно принадлежит след на каждом из изучаемых объектов. В данном случае будет устанавливаться так называемая прямая идентификация полного совпадения признаков человека и оставленного им биоматериала. В случае исследования костных останков неустановленного лица генетическими методами осуществляется опосредованная идентификация – идентификация биологического родства.

Оценивая генетические признаки биологических объектов, принято говорить об их относительной устойчивости к воздействию внешних факторов, что обусловлено нестабильностью структуры макромолекулы (подвержена разрушению). Данные изменения ведут к частичной или полной утрате искомых наследственных признаков биологических объектов (следов) их потенциальных носителей, что исключает впоследствии возможность идентификации. Естественно, в данном ключе речь не идет о возможных расхождениях в признаках биологических материй одного и того же человека. Имеется в виду возможное отсутст-

[1] Имеется в виду классификация групп крови. Группы крови человека классифицируются на основе наличия или отсутствия двух главных антигенов – А и В и подразделяются на четыре группы. URL: https://www.kp.ru/doctor/bolezni/gruppy-krovi-cheloveka/ (дата обращения: 22.02.2025).

[2] Локус (лат. locus – место) – в генетике означает местоположение определенного гена на генетической или цитогенетической карте хромосомы. URL: https://kartaslov.ru/ (дата обращения: 17.02.2025).

[3] Однояйцовые близнецы имеют идентичный генотип, поскольку они образуются из одной яйцеклетки, оплодотворенной одним сперматозоидом [6].

вие («выпадение») некоторых аллелей, устанавливаемых в ходе типирования[1], ввиду существенных изменений в структуре молекулы ДНК, обусловленной деградацией[2]. Следует учитывать, что абсолютно неизменяемых объектов не существует, а биологические производные априори относятся к наиболее подверженным различным изменениям (гниению, разрушению под воздействием ультрафиолета, временным трансформациям и др.).

В связи с этим основной задачей экспертного исследования, направленного на достижение достоверности и полноты отображения искомой геномной информации, является своевременное выяснение обстоятельств, негативно влияющих на пригодность изучаемой ДНК для оптимизации последующего идентификационного анализа.

В основе геномной идентификации лежит полимеразная цепная реакция – ПЦР (реакция амплификации[3]). В процессе сравнения продуктов ее синтеза устанавливается наличие или отсутствие тождества между исследуемым объектом (следом) и сравнительным образцом. Стартовым материалом ПЦР является выделенная ДНК, в непосредственной зависимости от целостности и чистоты которой находятся результаты амплификации, а также достоверность выявленных наследственных данных, в ходе сравнения которых можно судить о наличии или отсутствии тождества между человеком и оставленным им следом, о биологическом родстве людей.

Существенным заблуждением сотрудников следственных и оперативных подразделений, а также начинающих экспертов-генетиков является утверждение, что часто можно предопределить результативность геномного исследования по внешнему виду и состоянию биологического материала либо предмета его потенциального носителя. Считается, что гнилостно измененные, замытые следы крови, костные останки значительной давности не дадут желаемого результата, т. е. изначально непригодны для сравнительного анализа. Такая оценка крайне сомнительна и требует экспертного обоснования по более достоверным параметрам, а именно по качественно-количественным критериям, информацию о которых эксперт получает в процессе проведения подготовительной к ПЦР стадии исследования. Только после анализа полученных результатов может быть сделан промежуточный вывод о пригодности геномного материала для проведения основного анализа.

По нашему мнению, данный этап имеет существенное значение, обусловленное тем, что некоторые биологические следы латентны (невидимы), и нередко даже оценить их наличие или отсутствие на потенциальном предмете-носителе вне экспертного исследования не представляется возможным. К таким следам,

[1] Типирование ДНК – это способ исследования генетического материала, направленный на выявление и оценку индивидуальных генетических особенностей биологического объекта. URL: https://old.bigenc.ru/biology/text/2629377 (дата обращения: 17.02.2025).

[2] Процесс распада, разрушения молекулы ДНК под воздействием различных деструктивных факторов.

[3] Амплификация ДНК – это увеличение числа копий определенного фрагмента ДНК с помощью метода полимеразной цепной реакции (ПЦР). URL: https://www.invitro.ru/library/labdiagnostika/16110/ (дата обращения: 17.02.2025).

например, относятся слюна (точнее, клетки буккального эпителия), потожировые контактные следы с возможным присутствием в них клеток кожного эпителия. К довольно непредсказуемым с точки зрения установления возможной пригодности объектам относятся костные останки, тем более в условиях отсутствия достоверной информации о сроках давности их захоронений и пр. [7] Стоит заметить, что не только временной критерий имеет решающее значение при определении пригодности костного материала. Существенным является также биохимический состав среды их обнаружения (почвы, жидкости и т. д.).

При проведении исследования должна учитываться степень устойчивости и неизменяемости объектов к воздействию внешних и внутренних факторов. Тем более что существует ряд способов экспертного воздействия, способствующих улучшению параметров ДНК перед амплификацией. Иначе говоря, эксперт, воздействуя на генетический материал, переводит его из «непригодного» состояния в «пригодное». К сожалению, в Национальном стандарте (ГОСТ Р 57343-2016) по судебной молекулярно-генетической экспертизе понятий «пригодность биологического материала» или «пригодность ДНК» не предусмотрено[1]. Хотя с практической точки зрения данная позиция должна рассматриваться в первую очередь, так как неверное экспертное решение чревато потерей единственного информационного следового ресурса доказывания по делу, а непригодность объекта исследования делает нецелесообразным весь дальнейший процесс с учетом вложенных в него материальных и временных затрат.

Говоря о пригодности исследуемого материала для идентификации, прежде всего следует акцентировать внимание на качественно-количественных параметрах ДНК, выделенной из биологического материала, выступающего ее потенциальным носителем. Оценка состояния искомых генетических данных является основополагающей экспертной задачей для успешной ПЦР, поэтому осуществляется по итогам этапа выделения геномной составляющей.

Грамотное использование экспертных приемов обусловливает переход непригодной для ПЦР по ряду установочных данных ДНК в пригодную. Такой процесс принято называть нормализацией генетического материала (выделенной ДНК), основанной на доведении его качественно-количественных характеристик до рекомендованных норм (параметров).

Так, к отрицательным факторам, снижающим качественные характеристики исследуемого геномного материала, относят:

– во-первых, наличие в растворе сопутствующих компонентов, вызывающих значительное снижение чувствительности и эффективности ПЦР-ингибиторов [8];

– во-вторых, низкое качество самой ДНК, т. е. существенное нарушение целостности ее структуры – деградация.

[1] ГОСТ Р 57343-2016. Национальный стандарт Российской Федерации. Судебная молекулярно-генетическая экспертиза. Термины и определения: утв. и введ. в действие приказом Росстандарта от 12 декабря 2016 г. № 2009-ст // Справ.-правовая система «КонсультантПлюс». URL: http://base.consultant.ru. (дата обращения: 15.07.2025).

К отрицательным факторам количественных критериев относят излишне высокую или значительно низкую концентрацию выделенной ДНК в полученном после этапа выделения растворе.

Не случайно, основываясь на данной градации, алгоритмы применяемых способов в той или иной экспертной ситуации, направленные на улучшение (нормализацию) пригодности выделенной ДНК для последующей реакции амплификации, дифференцируются непосредственно с учетом оценки ее количественно-качественных параметров.

Количественные критерии могут быть охарактеризованы следующим образом.

1. ДНК пригодна для ПЦР – установлено ее достаточное количество, при котором концентрация выделенного материала находится в диапазоне, рекомендованном производителем набора, подобранного экспертом для типирования. Поэтому без дополнительных этапов исследование переходит на стадию ПЦР.

2. ДНК непригодна для ПЦР, при этом возможны две ситуационно противоположные причины. Установлена:

– ее высокая концентрация в растворе (в основном свойственна сравнительным биологическим образцам), превышающая пределы, рекомендованные производителем используемого набора реагентов для типирования. По итогам оценки численных показателей необходимо провести математические расчеты для нормализации концентрации до рекомендованных параметров разведением раствора ДНК деионизованной водой[1]. Исследование переходит на стадию ПЦР;

– ее низкая концентрация в растворе. Данный результат обусловливает необходимость концентрирования раствора путем удаления излишнего количества жидкости, сохраняя имеющиеся в ней фрагменты ДНК, применяя специализированный концентратор. Далее рекомендуется повторно оценить основные параметры пригодности ДНК после нормализации и перейти на стадию ПЦР.

Особое внимание необходимо уделить тому обстоятельству, что и завышенная концентрация ДНК, и ее недостаточное количество без дополнительного экспертного вмешательства в подавляющем большинстве случаев чреваты: во-первых, полным отсутствием каких-либо результатов электрофореза[2]; во-вторых, получением непригодных аллельных данных для дальнейшего этапа сравнения; в-третьих, даже в случае получения на первый взгляд «адекватных» геномных сочетаний в достоверность выводов по итогам такого анализа (особенно в случае отсутствия тождества) стоит усомниться. Описанные обстоятельства, в свою очередь, неизбежно влекут за собой экспертные ошибки.

[1] Вода с более глубокой степенью очистки (отсутствуют ионы), предназначенная для наукоемких отраслей, в том числе генетики. Деионизованная вода является одним из самых лучших растворителей и сорбентов (см.: Деионизованная вода – что это такое. URL: https://diasel.ru/article/deionizirovannaya-voda-chto-eto-takoe/ (дата обращения: 08.02.2025)).

[2] Электрофорез – один из важнейших методов в молекулярной биологии, применяемый для аналитического и препаративного разделения фрагментов ДНК или РНК в зависимости от их длины, занимает сейчас центральное место среди методов исследования белков и нуклеиновых кислот (см.: URL: https://www.volgmed.ru/uploads/files/2019-7/115283-otchet_up_pupg_goremykina_kazmina.pdf?ysclid=m7oy3hsy8y964796839 (дата обращения: 28.02.2025)).

Оценка качества выделенной ДНК, как уже было отмечено ранее, заключается:

– в определении наличия в растворе ингибиторов[1], посторонних компонентов, препятствующих результативному проведению следующего этапа исследования;

– целостности структурных элементов (фрагментов) макромолекулы (их длины).

С точки зрения оценки влияния ингибиторов на пригодность ДНК приведем следующую градацию:

а) ингибиторы присутствуют и препятствуют ПЦР. Это позволяет сделать вывод о том, что ДНК непригодна для дальнейшей амплификации. В данной ситуации необходимо провести очистку выделенной ДНК специализированными наборами реагентов, что позволит исключить ингибитор из исследуемого раствора. Вместе с тем параллельно полученные количественные критерии в большинстве случаев недостоверны и должны быть оценены повторно. Далее по обновленным показателям проводится нормализация ДНК. Исследование переходит на стадию ПЦР;

б) ингибиторы присутствуют, *частично* тормозят ПЦР, в данной ситуации эксперт достигает пригодности ДНК в зависимости от конкретной экспертной ситуации двумя способами: во-первых, дозированным разведением исследуемого материала деионизованной водой в пропорции 1:1; во-вторых, применением метода очистки, описанного в первом случае, с повторной оценкой количественных критериев. После нормализации исследование переходит на стадию ПЦР;

в) ингибиторы отсутствуют, что обеспечивает возможность признать ДНК пригодной для амплификации и перейти на следующий этап исследования без дополнительных экспертных манипуляций.

Определение целостности структуры выделенной ДНК происходит с учетом пропорционального соотношения длинных (длина которых находится в заведомо известных параметрах подобранного набора для последующего типирования) и коротких (длина которых меньше заложенных параметров) ее фрагментов в полученном растворе. Решение принимается в зависимости от конкретной экспертной ситуации, но в целях максимального улучшения результативности ПЦР преимущество отдается повторному выделению искомой ДНК, что возможно только при условии наличия потенциального носителя (биологического материала) и с обязательным увеличением его исходного количества[2]).

Серьезные трудности вызывают у начинающих экспертов ситуации, когда нормализация ДНК требуется как по качественным, так и по количественным параметрам. В этом случае оценка должна быть комплексной, но в первую очередь, с практических позиций, стоит отталкиваться от устранения негативного влияния ингибиторов, присутствие которых, как уже было отмечено, в подавляющем большинстве случаев значительно искажают количественные данные.

Здесь же акцентируем внимание экспертов-генетиков на важность оценки пригодности выделенной ДНК с учетом следственных ситуаций вероятного

[1] Посторонние вещества, ухудшающие ценные свойства и качества [9].

[2] Особенно это касается исследования трупных источников: костной, мышечной ткани, образцов крови.

смешения биологического материала мужчины и женщины. Например, при расследовании грабежей, насильственных преступлений, когда биологический материал женщины-жертвы априори превалирует, а мужской имеет фоновое отображение, так как из-за менее длительного контакта с предметом-носителем содержится в следовых (незначительных по сравнению с женским) количествах. Поэтому при нормализации количественного показателя необходимо учитывать неизбежное снижение концентрации мужской ДНК в исследуемом растворе по отношению к женской (в зависимости от параметров содержания ее в смеси) в целях предупреждения крайне нежелательного для эксперта исхода полной утраты информации об искомом мужчине. Ведь в случае разведения с учетом только параметров концентрации женской ДНК возможность идентификации мужчины-преступника сводится к нулю.

Подводя итог рассмотренному вопросу, отметим, что залогом успешной генетической идентификации является максимальная результативность полимеразной цепной реакции, по исходу которой увеличивается количество идентифицируемых признаков выделенной ДНК. В основе чего лежат качественно-количественные характеристики анализируемого геномного материала, обусловливающие его пригодность. Описанные экспертные приемы (концентрирование, разведение, очистка), оказывающие воздействие на пригодность ДНК для идентификации путем улучшения качественно-количественных характеристик и примененные после грамотного анализа полученных результатов, обеспечивают ее нормализацию до требуемых параметров эффективной ПЦР, по итогу которой устанавливаются идентификационно значимые наследственные признаки, впоследствии используемые и для прямой, и для опосредованной идентификации.

Такой подход обоснован нестабильностью биологических объектов, достаточно легко подвергающихся деструктивным изменениям под воздействием разрушающих факторов. Поэтому оценка пригодности для идентификации ДНК, выделенной из потенциальных носителей генетической информации при проведении криминалистического ДНК-анализа, имеет существенное значение для результативности исследования в целом. Так как неверно подобранные алгоритмы по нормализации выделенного генетического материала приводят к отрицательным или недостоверным результатам, которые в свою очередь становятся причиной экспертных ошибок.

Список источников

1. Дронова О. Б., Сидоренко Д. Н. Институт экспертно-криминалистической деятельности в России: генезис и становление // Вестник Санкт-Петербургского университета. Право. 2024. Т. 15, № 3. С. 780–797.

2. Бадзюк И. Л., Голодков Ю. Э., Ларионова Е. Ю. Анализ современных методов извлечения ДНК из биологических объектов судебной экспертизы // Вестник Восточно-Сибирского института МВД России. 2012. № 1 (60). С. 81–89.

3. Устименко Г. О. Криминалистическая идентификация: понятие, особенности // Молодой ученый. 2023. № 46. С. 307–309.

4. Кашаева А. А. Понятие и научные основы криминалистической идентификации // Экономика и социум. 2016. № 12-1 (31). С. 1341–1343.

5. Моисеева Т. Ф. Современные методы диагностики свойств и состояний человека по его биологическим следам // Вестник экономической безопасности. 2019. № 2. С. 210–213.

6. Соков А. В. Генетическая экспертиза близнецов. URL: https://sokov-av.ru/geneticheskaya-ekspertiza-blizneczov (дата обращения: 17.02.2025).

7. Кирсанов З. И. Математические методы исследования в криминалистике // Вопросы кибернетики и право: [сб. ст.] / редкол.: В. Н. Кудрявцев (отв. ред.) [и др.]. Москва: Наука, 1967. С. 200–219.

8. Галимова А. А., Сахабутдинова А. Р., Гарафутдинов Р. Р. Протекание полимеразной цепной реакции с праймерами «встык» в присутствии ингибиторов // Вестник Башкирского университета. 2017. № 4. С. 1017–1021.

9. Словарь русского языка: в 4 т. / под ред. А. П. Евгеньевой. 4-е изд., стер. Москва: Рус. яз.: Полиграфресурсы, 1999. URL: http://feb-web.ru/feb/mas/mas-abc/05/ma137638.htm?cmd=0&istext=1 (дата обращения: 08.02.2025).

References

1. Dronova O. B., Sidorenko D. N. Institute of forensic expertise in Russia: genesis and formation. Vestnik of Saint Petersburg University. Law, 780–797, 2024. (In Russ.).

2. Badzyuk I. L., Golodkov Yu. E., Larionova E. Yu. Analysis of modern methods of DNA extraction from biological objects of forensic expertise. Vestnik of the East Siberian Institute of the Ministry of Internal Affairs of Russia, 81–89, 2012. (In Russ.).

3. Ustimenko G. O. Criminalistic identification: concept, features. Young scientist, 307–309, 2023. (In Russ.).

4. Kashayeva A. A. The Concept and scientific foundations of forensic identification. Economics and society, 1341–1343, 2016. (In Russ.).

5. Moiseeva T. F. Modern methods of diagnosing human properties and states based on their biological traces. Bulletin of economic security, 210–213, 2019. (In Russ.).

6. Sokov A. V. Gemini genetic analysis. Available from: https://sokov-av.ru/geneticheskaya-ekspertiza-blizneczov. Accessed: 17 February 2025. (In Russ.).

7. Kirsanov Z. I. Mathematical research methods in criminalistics. In: Questions of cybernetics and law. [Collection of articles]. Editorial board: V. N. Kudryavtsev (resp. red.) [et al.]. Moscow: Nauka; 1967: 200–219. (In Russ.).

8. Galimova A. A., Sahabutdinova A. R., Garafutdinov R. R. Polymerase chain reaction with "Butt" primers in the presence of inhibitors. Bulletin of Bashkir State University, 1017–1021, 2017. (In Russ.).

9. Dictionary of the Russian language. In 4 vols. Red. A. P. Yevgeniyeva. 4th ed., ster. Moscow: Russian language; Polygraphresourses; 1999. Available from: http://feb-web.ru/feb/mas/mas-abc/05/ma137638.htm?cmd=0&istext=1. Accessed: 8 February 2025.

Лавелина Валерия Владимировна
преподаватель кафедры
экспертно-криминалистической деятельности
учебно-научного комплекса судебной экспертизы
Московского университета МВД России имени В. Я. Кикотя;
lavelinavalery@icloud.com

Lavelina Valeria Vladimirovna
lecturer at the department of expert-criminalistic activity
of the educational and scientific complex of forensic expertise
of the Kikot Moscow University of the Ministry of the Internal Affairs of Russia;
lavelinavalery@icloud.com

Статья поступила в редакцию 01.07.2025; одобрена после рецензирования 11.07.2025; принята к публикации 08.09.2025.

The article was submitted 01.07.2025; approved after reviewing 11.07.2025; accepted for publication 08.09.2025.

* * *