

ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ КАЗЕННОЕ
ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ
«РОСТОВСКИЙ ЮРИДИЧЕСКИЙ ИНСТИТУТ МИНИСТЕРСТВА
ВНУТРЕННИХ ДЕЛ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ»
(ФГКОУ ВО РЮИ МВД России)

Г. В. Бондарева, А. Н. Дудниченко, К. П. Малянова

**ВНЕДРЕНИЕ ДОСТИЖЕНИЙ
НАУЧНО-ТЕХНИЧЕСКОГО ПРОГРЕССА
В ИДЕНТИФИКАЦИЮ ЛИЧНОСТИ**

Учебно-практическое пособие

Ростов-на-Дону

2024

УДК 343.98.065

ББК 67.521.1

Б 81

Рецензенты:

О. В. Кругликова, кандидат юридических наук, доцент
(Барнаульский юридический институт МВД России);
А. С. Пудовиков, кандидат юридических наук, доцент
(Дальневосточный юридический институт МВД России).

Бондарева, Галина Викторовна.

Б 81 **Внедрение достижений научно-технического прогресса в идентификацию личности** : учебно-практическое пособие / Г. В. Бондарева, А. Н. Дудниченко, К. П. Малянова. – Ростов-на-Дону : ФГКОУ ВО РЮИ МВД России, 2024. – 48 с. ISBN 978-5-89288-531-7.

В настоящем пособии объединена информация о достижениях научно-технического прогресса, которые используются при идентификации личности. Практическая значимость выводов учебно-практического пособия заключается в обозначении необходимости изучения и знания сотрудниками правоохранительных органов способов и методов идентификации личности.

Учебное пособие предназначено для педагогических работников, слушателей и курсантов образовательных организаций МВД России.

Печатается по решению редакционно-издательского совета
ФГКОУ ВО МВД России.

ISBN 978-5-89288-531-7

УДК 343.98.065

ББК 67.521.1

© ФГКОУ ВО РЮИ МВД России, 2024

ОГЛАВЛЕНИЕ

ВВЕДЕНИЕ	4
ГЛАВА 1. Достижения научно-технического прогресса при исследовании ДНК с целью идентификации личности	6
§ 1.1. Молекулярно-генетическая экспертиза	6
§ 1.2. Установление возраста по ДНК.....	11
§ 1.3. Использование ДНК для формирования облика.....	15
ГЛАВА 2. Идентификация по костным останкам	24
§ 2.1. Телесовмещение	24
§ 2.2. Стоматологическая идентификационная экспертиза	27
ГЛАВА 3. Новейшие и модернизированные способы идентификации личности	33
§ 3.1. Рентгенологическая идентификация.....	33
§ 3.2. Лазерная масс-спектрометрия.....	36
§ 3.3. Идентификация по голосу	39
ЗАКЛЮЧЕНИЕ	42
ЛИТЕРАТУРА	44

ВВЕДЕНИЕ

Одним из актуальных направлений развития криминалистики и судебной экспертизы является исследование проблемы комплексного изучения человека как объекта криминалистического знания, включая все его свойства и проявления, необходимые для установления личности, а также формирование единого методологического подхода к изучению человека с учетом практики раскрытия и расследования преступлений. В процессе подготовки, совершения и сокрытия преступления преступник как самостоятельный субъект деятельности отображается в окружающей среде через свои свойства. Возникающие при этом следы несут о нем определенную информацию. Поэтому отмеченные выше свойства его личности являются информативными, т. к. благодаря их отображению возможно идентифицировать лицо, совершившее преступление.

Установление личности преступника, потерпевшего, а также неопознанных трупов – одна из задач сотрудников органов внутренних дел. Это связано с тем, что отождествление личности, т. е. ее идентификация, обеспечивает возможность определения круга следственных и оперативно-розыскных мероприятий в целях скорейшего раскрытия преступления, розыска преступника или пропавшего без вести гражданина.

Для решения данной задачи особо важное значение имеет разработка соответствующей экспертной методики, созданной на основе прочной научной базы судебно-медицинских и смежных наук: генетики, биологии, антропологии, физиологии и пр¹. В связи с этим важное значение приобретает обеспечение необходимой информацией об основах проведения различных экспертиз, объектах, имеющих решающее значение для идентификации личности, для того чтобы субъекты расследования имели представление о том, какие объекты могут быть исследованы в рамках производства экспертиз, какие вопросы необходимо поставить

¹ Медико-криминалистическая идентификация. Настольная книга судебно-медицинского эксперта / под общ. ред. В.В.Томилина. М., 2000. 472 с.

перед экспертом, чтобы получить необходимую и полную информацию для установления личности преступника либо неопознанного трупа.

Настоящее пособие объединяет информацию о достижениях научно-технического прогресса, используемых при идентификации личности. Практическая значимость выводов учебно-практического пособия заключается в обозначении необходимости изучения и знания сотрудниками правоохранительных органов способов и методов идентификации личности.

ГЛАВА 1. ДОСТИЖЕНИЯ НАУЧНО-ТЕХНИЧЕСКОГО ПРОГРЕССА ПРИ ИССЛЕДОВАНИИ ДНК С ЦЕЛЮ ИДЕНТИФИКАЦИИ ЛИЧНОСТИ

§ 1.1. Молекулярно-генетическая экспертиза

В современном мире молекулярно-генетическая экспертиза является важным и эффективным инструментом в различных областях, таких как медицина, криминалистика, археология, сельское хозяйство и др.

Молекулярно-генетическая экспертиза – это методология, основанная на анализе генетической информации, проводимая для идентификации, изучения наследственных характеристик и определения генетической природы организмов с использованием различных техник и методов. Данный вид экспертизы является одним из наиболее современных и точных, основывается на исследовании ДНК в качестве объекта исследования. Развитие данной области невозможно определить с точным хронологическим шагом, т. к. многие из базовых принципов были открыты и усовершенствованы учеными в течение длительного периода времени.

Одним из первых ключевых событий в истории молекулярно-генетической экспертизы было открытие структуры ДНК в 1953 г. Джеймсом Уотсоном и Фрэнсисом Криком. Ученые представили двойную спираль развернутой ДНК и доказали, что эта молекула является наследственным материалом организмов. Это открытие послужило началом для дальнейших исследований о передаче наследственных свойств.

В 1980-е гг. разработан метод полимеразной цепной реакции (ПЦР), который позволяет быстро и эффективно размножить фрагменты ДНК в тестовых образцах, которые слишком малы для прямого изучения, что позволило диагностировать многие заболевания, а также использовать результаты данного открытия с целью идентификации личности при раскрытии и расследовании преступлений.

В 1990-х гг. завершена первая версия Геномного проекта человека, который включил в себя картографию всего генома человека. Это дало

ученым возможность идентифицировать мутации и связать их с различными заболеваниями, а также помогло ориентироваться в поисках генов, отвечающих за наследственные болезни и общее здоровье.

С 2000-х гг. молекулярно-генетическая экспертиза становится более доступной и широко используется в различных областях, включая криминалистику, медицину, антропологию и др. Современные методики исследования позволяют проводить анализ ДНК в экспресс-режиме, работать с малыми образцами биологического материала и безопасно хранить и обрабатывать персональную информацию о генетических характеристиках людей. На сегодняшний день молекулярно-генетическая экспертиза применяется в различных отраслях.

Так в медицине данный вид экспертизы позволяет проводить диагностику наследственных заболеваний, определять генетические факторы риска, прогнозировать эффективность лекарственных препаратов, а также разрабатывать индивидуальные подходы к лечению. Молекулярно-генетическая экспертиза в криминалистике помогает идентифицировать подозреваемых и потерпевших, анализировать ДНК-следы на месте преступления и предоставлять доказательства в судебных процессах. В археологии молекулярно-генетическая экспертиза позволяет изучать генетическое разнообразие древних популяций, раскрывать историю человечества, миграции и колонизации. Молекулярно-генетическая экспертиза применяется в сельском хозяйстве для селекции и определения генетического профиля растений и животных, а также для обеспечения безопасности и качества сельскохозяйственной продукции.

К основным методам молекулярно-генетической экспертизы относятся:

– **полимеразная цепная реакция (ПЦР):** этот метод позволяет амплифицировать (увеличивать количество) конкретные участки ДНК исходного образца в лабораторных условиях для дальнейшего анализа. Этот метод был разработан в 1980-х гг. историком-медиком Кэри Муллисом. ПЦР проводится в три основных этапа: денатурации, отжига и продления. Во время денатурации исходный образец нагревается ультрафиолетовым светом или термостатом при высокой температуре, что разрушает водородные связи между двумя нитями ДНК. Это приводит

к распаду двухцепочечной молекулы ДНК на две отдельные нити. На следующем этапе отжига температура понижается, и специально подобранные короткие фрагменты ДНК – праймеры связываются с каждым участком целевой ДНК. При продлении температуру снова повышают и держат на определенном уровне, когда специальный фермент – термостабильная ДНК-полимераза, копирует целевой участок ДНК, используя праймеры, для начала процесса синтеза новой нити ДНК. По мере повторения этого цикла происходит экспоненциальный рост числа копий целевого участка ДНК. Одна копия ДНК при ПЦР может породить до миллионов, миллиардов или даже бесчисленного количества копий за несколько циклов. Это сделало ПЦР одним из самых важных методов в молекулярной биологии и медицине.

– **секвенирование ДНК:** этот метод позволяет определить последовательность нуклеотидов в генетической информации (ДНК), что нашло широкое применение для исследования генетических вариантов, мутаций и поиска генетических причин заболеваний. Секвенирование ДНК начинается с получения некоторого количества ДНК из образца. Затем фрагменты ДНК разбиваются на отдельные молекулы и к ним присоединяются короткие нуклеотидные последовательности (праймеры), которые служат стартовыми точками для синтеза новых нуклеотидных цепей. Существует несколько методов секвенирования ДНК: Sanger-секвенирование и методы следующего поколения.

В методе Сангера длинная цепь ДНК разбивается на короткие фрагменты, которые отличаются по длине на одну нуклеотидную единицу. Затем эти фрагменты проходят через множество копий молекул ДНК, содержащих разные нуклеотидные последовательности, зафиксированные на специфических праймерах. В результате в каждую молекулу добавляется новый нуклеотид, флуоресцентно-меченный, который позволяет фиксировать продолжение цепи. После завершения реакции и разделения полученных фрагментов на полосе геле-электрофореза их последовательность может быть определена с помощью автоматизированной оптической считывающей системы. В методах следующего поколения, таких как Illumina, Ion Torrent, PacBio, Oxford Nanopore, секвенируются короткие фрагменты ДНК, но с использованием

мощных компьютерных алгоритмов, которые позволяют собрать короткие фрагменты в длинные цепочки и вызвать одновременное определение нуклеотидов с максимальной скоростью, приводя к быстрому и высокоточному секвенированию.

Секвенирование ДНК позволяет узнать множество данных о генетическом материале, например, о расположении генов и мутаций, а также о предрасположенности к наследственным заболеваниям, что позволяет улучшать диагностику и лечение многих заболеваний, решать задачи науки и технологии, такие как геномика и др. Это важный инструмент в генетике, молекулярной биологии, фармакогеномика и медицине.

– **сравнительный анализ ДНК:** сравнительный анализ ДНК применяется для сравнения генетических конструкций различных организмов, чтобы выявить сходства и различия в их последовательностях ДНК. Это может быть полезным для понимания эволюционных связей между видами, их родственности, сходства на генетическом уровне и многих других вопросов. В сравнительном анализе ДНК используют две основные методики: геномное сравнение и анализ последовательностей – DNA. Геномное сравнение означает сравнение полных геномов двух или более организмов между собой, включая основные гены, повторы, промежутки между генами и т. д. Проводят это путем выравнивания геномов для нахождения общих участков и различий между ними. Анализ последовательностей – DNA, с другой стороны, фокусируется на конкретных фрагментах ДНК, таких как отдельные гены, а также на участках регуляторных областей, участвующих в контроле экспрессии генов. В этом подходе исследуют последовательности и сравнивают их между собой. Затем эти результаты могут быть интерпретированы для определения функций конкретных генов, а также для выявления изменений в них, которые можно связать с патологиями или мутациями.

Сравнительный анализ ДНК широко применяется в биологических науках, таких как генетика, медицина, эволюционная биология, биотехнология и другие. Благодаря этому методу можно выявлять гены, ответственные за наследственные заболевания, изучать эволюцию животных и даже помогать в создании новых культурных растений и животных с желательными свойствами.

Другой метод, используемый в молекулярно-генетической экспертизе, - это генетический анализ. Этот метод используется для определения наследственных заболеваний, а также для выявления генетических маркеров, которые могут помочь в идентификации личности или родственных связей.

– **генетический анализ:** генетический анализ – это процесс изучения генетического материала организмов на наличие изменений в нем. Этот подход позволяет идентифицировать наследственные заболевания, предсказывать риски их развития, устанавливать родственные связи между людьми и организмами, а также изучать особенности биологических систем.

Генетический анализ включает в себя такие, как секвенирование ДНК, полимеразная цепная реакция, гибридизация ДНК и др. Данные технологии позволяют исследовать гены, определять полиморфизмы, мутации или дефекты, а также изучать свойства белков и другие биологические процессы.

Генетический анализ широко применяется в медицине для диагностики наследственных заболеваний, таких как муковисцидоз, синдром Дауна, нарушения гемостаза и т. д. Он также используется в генетических исследованиях для изучения характеристик наследственности и эволюционных свойств организмов. Генетический анализ может быть проведен на выборках крови, тканях или других биоматериалах. Часто генетический анализ выполняется на основе клинических направлений и рекомендаций и требует подготовки заранее, включая согласие пациента в области конфиденциальности и доступа к изучаемым генетическим данным.

Молекулярно-генетическая экспертиза играет важную роль в уголовном судопроизводстве, т. к. позволяет использовать ДНК-анализ для идентификации подозреваемых, сравнения ДНК различных образцов и установления родства между людьми.

Несмотря на то, что молекулярно-генетическая экспертиза имеет огромный потенциал, она вызывает определенные этические вопросы. В различных странах действуют законы, регулирующие использование ДНК-анализа, чтобы защитить конфиденциальность и приватность личных данных.

Основными видами молекулярно-генетической экспертизы являются судебно-генетическая экспертиза личности и судебно-генетическая экспертиза родства. Последняя позволяет идентифицировать родственные связи между людьми, а первая используется для определения личности подозреваемых или жертв на месте преступления. Молекулярно-генетическая экспертиза является надежным инструментом в уголовном судопроизводстве, который помогает идентифицировать подозреваемых, определять личность жертв и устанавливать родственные связи между людьми на основе молекулярных характеристик их генетического материала.

§ 1.2. Установление возраста по ДНК

Установление возраста человека – это важный аспект в медицине, антропологии, криминалистике и других областях науки. Одним из новых и перспективных методов установления возраста является молекулярно-генетический анализ ДНК.

Установление возраста по ДНК – это методика, позволяющая определить возраст организма, тканей или клеток по характеристикам ДНК. Она развивалась постепенно в течение последнего столетия, благодаря открытиям в генетике и биохимии.

В 1953 г. Джеймс Ватсон и Френсис Крик описали структуру ДНК. Это открытие обеспечило новую основу для исследования ДНК, а также возможность развития эффективных методов анализа ДНК. В 1985 г. палеонтологи Алан Вильсон и Ребекка Кэнпбелл использовали последовательность митохондриальной ДНК (МТ-DNA) для установления возраста биологических образцов. Их исследования показали, что у млекопитающих скорость мутаций в митохондриальной ДНК примерно постоянна, что позволяет генетикам определить примерный возраст организма либо последнего общего предка между видами.

Следующий важный прорыв в этой области произошел в 1990 г., когда был разработан метод установления возраста по ДНК через анализ длин молекул теломер (концевых участков хромосом). Установлено, что уменьшение длины теломер с возрастом является маркером старения.

В 1997 г. на основе исследования мутаций в ядерной ДНК Уолтер Шаб и его коллеги создали первую базу данных, которая позволяет оценивать возраст человека путем анализа ДНК в крови. Они обнаружили, что определенные мутации в ядерной ДНК кроветворных клеток могут служить маркерами возраста.

Другим важным прорывом стало открытие ученых в 2007 г., когда была обнаружена возможность использования идентификационных маркеров в оценке возраста. Идентификационные маркеры представляют собой участки ДНК, которые изменяются со временем независимо от мутаций.

В настоящее время метод установления возраста по ДНК является важным инструментом для исследования старения и для определения возраста образцов, которые не могут быть установлены другими способами.

Существует несколько различных методов, используемых для установления возраста человека на основе анализа ДНК. Один из наиболее распространенных методов – **анализ теломеров**. Теломеры – это концевые участки ДНК, которые становятся короче при каждом делении клеток. Изучение теломеров может помочь установить возраст тканей и клеток организма.

Теломеры находятся в конце каждой хромосомы. Они играют важную роль в стабилизации генома и защите от повреждений. С каждым делением клеток теломеры укорачиваются, что приводит к старению и различным заболеваниям.

Изучение теломеров является одним из методов анализа ДНК, позволяющим определять возраст клеток, тканей и организма в целом. Основа анализа теломеров – это измерение длины теломеров в различных тканях и клетках. Для этого используются специальные методы, такие как количественная ПЦР и терминальная огненная полимеразная реакция (TRF).

При количественной ПЦР исследуются уровни ДНК в одноцелевой реакции, в которой используется специфический для теломеров протокол амплификации. В результате получают количественную информацию о длине теломеров.

Терминальная огненная полимеразная реакция более точно определяет длину теломеров. Это метод высокой точности, где сравниваются длины теломеров при помощи рестриктазы, которая расщепляет концевые фрагменты ДНК по границе хромосомы. Затем измеряется длина фрагментов теломеров с помощью электрофореза.

Измерение длины теломеров помогает определить возраст тканей и оценить их состояние. Этот метод может быть использован в медицине, криминалистике и других областях науки. Однако необходимо учитывать, что на точность результатов могут повлиять такие факторы, как образ жизни, стресс, окружающая среда и т. д.

Анализ эпигенетики. Эпигенетика – это изменения в геноме, которые не изменяют последовательность нуклеотидов ДНК, но могут изменить активность генов. Изучение эпигенетических маркеров на ДНК может помочь в установлении возраста организма и оценке его здоровья.

Анализ эпигенетики – это метод изучения изменений, которые влияют на экспрессию генов, не изменяя последовательности ДНК. Изучение эпигенетических маркеров может помочь установить возраст тканей и организма в целом. В основе эпигенетических маркеров лежат метилирование ДНК и модификации гистонов – белков, вокруг которых сворачивается ДНК в хромосомы. Метилирование ДНК происходит при добавлении метильной группы на цитозиновый нуклеотид. Этот процесс обычно сопровождается снижением экспрессии генов в этом участке ДНК.

Другим методом определения возраста тканей и организма является изучение эпигенетических маркеров, называемых теломерными метилациями. Эти маркеры находятся на теломерах – концах хромосом – в месте перехода от теломеров к основной части ДНК. Их токены уровни могут быть использованы для определения возраста клеток и тканей.

Примером конкретного метода эпигенетического анализа является бисульфитное секвенирование, которое позволяет изучать метилирование цитозиновых нуклеотидов в ДНК. В соответствии с этой методикой ДНК обрабатывается бисульфитом, который конвертирует неметилированные цитозины в урацил, а метилированные цитозины остаются неизменными. Затем ДНК секвенируется для определения местоположения и уровня метилирования цитозиновых нуклеотидов.

Как и при анализе теломеров, влияние различных факторов, таких как образ жизни и окружающая среда, может повлиять на результаты анализа эпигенетических маркеров. Тем не менее анализ эпигенетики является перспективным методом установления возраста и может быть полезным для медицины, антропологии, криминалистики и других областей науки.

Анализ мутаций в гене МТ-ДНК, который находится в митохондриях клеток. Мутации в этом гене могут помочь определить возраст клеток, тканей и организма в целом.

Митохондриальная ДНК (МТ-ДНК) – это кольцевая ДНК, находящаяся в митохондриях клеток, которая участвует в процессе формирования энергии в клетках. Мутации в гене МТ-ДНК могут привести к различным наследственным заболеваниям, таким как митохондриальные дисфункции, поражающие множество тканей в организме.

Мутации в гене МТ-ДНК могут обнаруживаться с помощью разных методов. Один из них – полимеразная цепная реакция (ПЦР) и последующее секвенирование. Для этого метода необходимо провести извлечение ДНК из клеток, затем ПЦР с использованием специфических праймеров, которые генерируют участок целевой ДНК, содержащий ген МТ-ДНК. Этот фрагмент ДНК затем секвенируется, и мутации могут быть обнаружены путем сравнения последовательности ДНК пациента с последовательностью ДНК со здоровыми нормами.

Масс-спектрометрия позволяет определять точный профиль мутаций в ДНК МТ из-за изменения массы молекул при наличии различных мутаций. Это позволяет быстрее и точнее определять мутации в гене МТ-ДНК.

Мутации в гене МТ-ДНК могут быть как унаследованными, так и возникать из новых мутаций. Некоторые мутации в этом гене относятся к гетероплазматическим мутациям, т. е. имеют разную частоту появления мутационных и нормальных ДНК в одной клетке. Это приводит к различным проявлениям заболевания в зависимости от количества клеток, имеющих мутацию, и эффективности их функционирования.

Анализ мутаций в гене МТ-ДНК используется для диагностики митохондриальных наследственных заболеваний и оценки риска их развития, однако в связи со сложностью его проведения нередко полученные результаты могут оказаться недостоверными.

Несмотря на возможности молекулярно-генетического анализа ДНК для установления возраста человека этот метод имеет свои ограничения, с его помощью нельзя в точности определить возраст организма.

Таким образом, молекулярно-генетические методы анализа ДНК позволяют установить возраст организма с помощью анализа теломеров, эпигенетических маркеров и мутаций в гене МТ-ДНК. Хотя этот метод не является абсолютно точным и имеет свои ограничения, он является достаточно перспективным и применяется в различных областях науки.

§ 1.3. Использование ДНК для формирования облика

Использование ДНК для формирования облика, также известное как фенотипический профилирование, является новым и инновационным подходом в области судебно-биологической экспертизы. Этот метод позволяет установить отдельные физические характеристики человека, такие как цвет кожи, волос, глаз, форма лица и другие черты, на основе его генетического материала.

Принцип работы фенотипического профилирования основан на связи между генетическими вариациями и внешними признаками. Конкретные гены, которые кодируют определенные черты, идентифицируются и анализируются с использованием методов молекулярной биологии и генетики. На основе изучения этих генетических маркеров составляется прогноз фенотипических характеристик человека.

Для создания фенотипического профиля используются различные методы и технологии, включая анализ определенных генетических маркеров и алгоритмы, основанные на больших наборах данных. Некоторые из этих методов включают исследование однонуклеотидных полиморфизмов (SNP), которые представляют собой маленькие изменения в ДНК, связанные с определенными физическими чертами.

Процесс фенотипического профилирования обычно начинается со сбора образцов генетического материала – ДНК участников исследования. После этого проводится генетический анализ с целью выявления наличия конкретных генетических вариаций, связанных с физическими чертами. С помощью алгоритмов и моделей, разработанных на основе данных, полученных из больших популяционных исследований, происходит определение фенотипических характеристик. Фенотипическое профилирование используется в криминалистике для идентификации неизвестных подозреваемых на основе найденных генетических следов. Оно может помочь и в создании примерного портрета лица. Использование ДНК для формирования облика представляет потенциально мощный инструмент, который может иметь широкое применение в различных областях, от судебной биологии до медицины и антропологии. Необходимо отметить, что фенотипическое профилирование находится на стадии активного исследования и разработки. Оно требует дальнейшей валидации и совершенствования, особенно в отношении сложных фенотипических черт, которые обусловлены множеством генетических и окружающих факторов.

Фенотипическое профилирование может быть полезным инструментом в судебных расследованиях, особенно в случаях, когда другие методы идентификации недоступны или недостаточно информативны. Оно может способствовать установлению личности подозреваемого или помочь в составлении примерного портрета лица на основе найденного генетического материала.

Таким образом, использование ДНК для формирования облика представляет потенциально важный инструмент в судебно-биологической экспертизе. Данный метод применяется в различных областях знаний, в том числе криминалистике.

Фенотипическое профилирование является относительно новой областью исследования, которая развивается на стыке генетики, биологии и информационных технологий.

Основные события в истории развития фенотипического профилирования:

1953 г.: открытие структуры ДНК. Данный важный момент в истории биологии, сделанный Фрэнсисом Криком и Джеймсом Уотсоном, стал отправной точкой для развития генетических исследований и понимания связи генотипа и фенотипа.

2005 г.: изучение однонуклеотидных полиморфизмов (SNP). Была завершена Международная геномная программа, в рамках которой был проведен обширный анализ генетического разнообразия популяций. Это позволило исследователям обнаружить миллионы SNP, маленьких генетических вариаций, которые могут быть связаны с различными фенотипическими чертами.

2010-е гг.: развитие генетической аналитики. С развитием технологий секвенирования и биоинформатики стало возможным проводить обширные генетические исследования на уровне отдельных генов и всего генома. Это способствовало более точному пониманию генетических основ различных фенотипических черт.

2014 г.: запуск проекта «Predicting Eye Color from Genetic Data» (предсказание цвета глаз на основе генетических данных). Исследователи в Нидерландах разработали модель, позволяющую предсказывать цвет глаз на основе генетических маркеров. Это стало примером применения фенотипического профилирования для предсказания конкретных физических характеристик на основе генетической информации.

2015 г.: запуск проекта «The 1000 Genomes Project» (Проект 1000 геномов). Этот проект ставил своей целью создание каталога генетических вариаций в человеческой популяции. Данный проект собрал геномные данные от тысячи человек различных этнических групп и стал основой для дальнейших исследований в области фенотипического профилирования.

2010-е гг.: развитие машинного обучения и искусственного интеллекта. Применение алгоритмов машинного обучения

и искусственного интеллекта в области фенотипического профилирования стало возможным благодаря доступности больших объемов генетических данных. Это позволяет создавать модели, предсказывающие фенотипические черты на основе генетической информации с высокой точностью.

Фенотипическое профилирование основано на анализе генетической информации и ее связи с фенотипическими чертами. Для этого применяются различные методы и техники. Вот некоторые из основных методов и техник, используемых в фенотипическом профилировании:

Генетическое секвенирование – основной метод, который позволяет определить последовательность нуклеотидов в геноме. Существуют различные методы секвенирования, включая классическое Sanger-секвенирование и современные методы секвенирования нового поколения (NGS), такие как иллюминированное секвенирование и секвенирование одной молекулы (single molecule sequencing). Генетическое секвенирование – процесс определения последовательности нуклеотидов в ДНК или РНК образца. Он позволяет получить информацию о генетической составляющей организма, идентифицировать генетические вариации и изучать связь между генотипом и фенотипом.

Существуют различные методы генетического секвенирования, которые различаются по принципу работы и применяемым технологиям:

1. Sanger-секвенирование. Это классический метод секвенирования, разработанный Фредериком Сэнгером в 1977 г. Он основан на использовании дезоксинуклеотидтрифосфата (dNTP) и дидезоксинуклеотидтрифосфата (ddNTP), которые приводят к терминированию процесса синтеза ДНК. С помощью этого метода можно секвенировать небольшие фрагменты ДНК.

2. Методы секвенирования нового поколения (Next Generation Sequencing, NGS). Данные методы позволяют проводить секвенирование генома с высокой скоростью и высокой глубиной покрытия. Они основаны на параллельной секвенировании множества ДНК-фрагментов.

Примеры методов NGS включают иллюминированное секвенирование (Illumina sequencing), пиро-секвенирование (Pyrosequencing), Ion Torrent секвенирование и др.

3. Одномолекулярное секвенирование. Этот метод позволяет проводить секвенирование одной ДНК-молекулы. Это достигается путем изоляции одиночных ДНК-молекул и их последовательного анализа. Примеры одномолекулярных методов включают PacBio-секвенирование (Pacific Biosciences sequencing) и Нанопоровое секвенирование (Nanopore sequencing).

Генетическое секвенирование находит широкое применение во множестве областей, включая исследования геномики, медицинскую диагностику, аграрные исследования, судебно-медицинскую экспертизу, эволюционную биологию и др. Оно играет важную роль в изучении генетических основ заболеваний, развития и эволюции организмов, а также помогает в разработке персонализированной медицины и других инновационных подходов.

Однонуклеотидные полиморфизмы (SNP): SNP – это генетические вариации, которые отличаются всего одним нуклеотидом в геноме между индивидуумами. Они являются наиболее распространенным типом генетической вариации в популяции любого организма. Их использование позволяет ассоциировать определенные генетические варианты с фенотипическими чертами и риском развития различных заболеваний.

SNP могут возникать в результате естественных процессов мутаций, таких как замена одного нуклеотида на другой, вставки или удаления нуклеотидов. Они могут располагаться как в генных областях, так и в некодирующих областях генома.

Область применения SNP:

1. Ассоциативные исследования. SNP используются для идентификации генетических вариантов, ассоциированных с определенными фенотипическими чертами или заболеваниями. Эти исследования позволяют определить, есть ли статистически значимая

связь между определенными генетическими вариантами и наличием определенного фенотипа или заболевания в популяции.

Процесс ассоциативных исследований обычно включает в себя сбор образцов генетического материала (обычно ДНК) от большого количества людей или организмов, имеющих интересующий фенотип. Затем проводится генотипирование для определения генетических вариаций в изучаемых генах или геноме в целом. Сравнительный анализ генетических вариантов с фенотипическими данными позволяет выявить статистические ассоциации между конкретными генетическими вариантами и фенотипическими проявлениями.

Ассоциативные исследования могут указывать на статистическую связь между генетическими вариантами и фенотипическими чертами, но не всегда означают причинно-следственную связь. Дополнительные исследования, такие как функциональные эксперименты или мета-анализы, часто требуются для подтверждения и понимания этих связей.

2. Фармакогенетика. SNP могут влиять на ответ организма на определенные лекарственные препараты. Исследование генетических вариантов позволяет персонализировать лечение, определить наиболее эффективные препараты и дозировку, а также предотвратить возможные побочные эффекты.

3. Родословные исследования. SNP используются для изучения генетических связей и эволюционных отношений между различными популяциями и организмами. Они помогают в реконструкции родословных деревьев и изучении миграций и распространения популяций.

4. Идентификация личности. Некоторые SNP могут использоваться в судебно-медицинской экспертизе для идентификации личности или родственных связей между лицами.

5. Генотипирование. Это метод определения генетического состава организма путем анализа определенных генетических маркеров. Оно позволяет определить, какие аллели или генетические варианты

присутствуют в геноме индивидуума. Генотипирование может быть проведено с использованием различных техник, включая полимеразную цепную реакцию (ПЦР), микрочипы с генетическими маркерами и секвенирование.

6. Методы гибридизации ДНК. Эти методы основаны на спаривании целевой ДНК с комплементарными пробами или пробками. Гибридизация может быть использована для определения наличия определенных генетических вариантов или для обнаружения конкретных генетических маркеров.

7. Биоинформатика. Это наука об обработке и анализе биологических данных с использованием компьютерных методов и алгоритмов. В фенотипическом профилировании играет важную роль в анализе генетических данных, идентификации связей между генами и фенотипическими чертами, а также в разработке моделей прогнозирования фенотипов.

Биоинформатика включает в себя следующие методы и техники для анализа биологических данных:

- выравнивание последовательностей. Это процесс сравнения биологических последовательностей, таких как ДНК или белки, для выявления сходства и идентификации консервативных регионов;

- асемблирование генома. Это процесс сборки фрагментов генетической последовательности для получения полной или приближенной структуры генома;

- аннотация генома. Это процесс определения функционального значения генов и других элементов генома, а также связанных с ними биологических аннотаций;

- предсказание генов и белков. Это процесс идентификации генов и предсказания их структуры и функции, а также предсказание структуры и функции белков;

- анализ экспрессии генов. Это процесс оценки уровня экспрессии генов в различных условиях и тканях, позволяющий изучать изменения

в экспрессии генов в разных физиологических и патологических состояниях;

- формирование и анализ филогенетических деревьев. Это процесс построения и анализа эволюционных деревьев, позволяющих изучать родственные связи между различными организмами и понимать их эволюционные исходы. Биоинформатика имеет огромное значение в современной биологической науке и медицине. Она помогает улучшить понимание генетических основ различных заболеваний, идентифицировать новые лекарственные мишени и разрабатывать персонализированную медицину. Она также играет важную роль в сельском хозяйстве, экологии и природоохранной деятельности, позволяя изучать генетическое разнообразие и эволюцию организмов, а также разрабатывать стратегии сохранения и устойчивого использования биоразнообразия;

Это лишь несколько примеров основных методов и техник, применяемых в фенотипическом профилировании. Развитие технологий и постоянные исследования в этой области продолжают расширять набор инструментов и улучшать понимание генетических основ фенотипических черт.

Фенотипическое профилирование в уголовном судопроизводстве может быть использовано для:

1) идентификации подозреваемого. Фенотипическое профилирование может помочь в идентификации неизвестного подозреваемого, основываясь на его внешних чертах, таких как цвет волос, цвет глаз, тип кожи и прочие физические особенности. Это может быть особенно полезно при отсутствии ДНК-совпадений или иной информации о подозреваемом;

2) сужения круга подозреваемых. Фенотипическое профилирование позволяет уменьшить круг подозреваемых посредством исключения лиц, у которых не соответствуют фенотипические черты, полученные из примеров, найденных на месте преступления;

3) прогнозирования физических характеристик. Фенотипическое профилирование может предсказывать внешние признаки подозреваемого на основе его генетического профиля. Например, можно предсказать цвет глаз или цвет волос на основе определенных генетических маркеров. Это может быть полезным для создания портрета подозреваемого, на основе его генетической информации;

4) установления хронологии событий. Фенотипическое профилирование может помочь в определении временных рамок событий на основе анализа физических изменений, таких как проявление признаков старения.

Таким образом, фенотипическое профилирование является полезным инструментом, позволяющим идентифицировать подозреваемых, сужать их круг, устанавливать черты внешности и определять временную хронологию событий, что в значительной мере может способствовать раскрытию и расследованию преступлений.

ГЛАВА 2. ИДЕНТИФИКАЦИЯ ПО КОСТНЫМ ОСТАНКАМ

§ 2.1. Телесовмещение

Телесовмещение (англ. *body mapping*) – это метод, используемый в медицине, судебной экспертизе и физической реабилитации для документирования и изучения травм, болезней или других физических состояний пациента. Его сущность заключается в составлении детальной графической записи тела, на которой отображаются различные патологические изменения, раны, ссадины, синяки и т. д.

С самых древних времен люди пытались описывать различные физические состояния. Еще в античные времена врачи и хирурги использовали рисунки тела для описания травм и болезней. Это были первые попытки визуализировать состояние тела с целью диагностики и изучения патологических состояний организма. В эпоху Возрождения стала активно развиваться анатомия, появились более точные и детальные иллюстрации человеческого тела. Именно в этот период были созданы известные атласы анатомии, такие как «*De humani corporis fabrica*» Андреа Везалия. Эти работы стали основой для дальнейшего развития методов визуализации физических состояний. С появлением в XIX в. фотографии открылись новые возможности для документации и визуализации травм и болезней. Фотографии позволяли сохранить точное изображение состояния пациента или жертвы в определенный момент времени.

С развитием компьютерной технологии и цифровой фотографии телесовмещение достигло нового уровня. Вместо ручного рисования и документирования физических состояний специалисты могут использовать специализированные программы и инструменты для создания точных и детализированных изображений. Телесовмещение становится неотъемлемым инструментом судебных экспертов, позволяющим создавать объективные доказательства и визуализации для установления обстоятельств преступления или установления механизма образования травм, в том числе повлекших смерть человека.

Сбор данных является первым и наиболее важным этапом телесовмещения. В ходе данного процесса эксперт получает информацию

о физических состояниях, травмах, болезнях или иных особенностях тела. Качество собранных данных определяет точность и достоверность результирующей визуализации и анализа. Существует несколько методов сбора данных в телесовмещении. Один из наиболее распространенных методов – это непосредственное наблюдение и осмотр тела экспертом: визуальное изучение физических состояний, замеры, фотографирование и документирование. Возможно использование дополнительных методов, таких как вопросы и интервьюирование, изучение медицинских историй пациентов, а также результатов лабораторных исследований.

Визуализация при телесовмещении представляет собой процесс преобразования данных о физических состояниях или травмах в наглядные и понятные визуальные образы. Цель визуализации заключается в создании объективного и наглядного представления, которое позволяет лучше понять и интерпретировать данные, а также использовать их в уголовно-правовых или медицинских процессах. Существует несколько методов визуализации при телесовмещении. Один из самых распространенных – фотографирование и видеозапись. Это позволяет зафиксировать визуальные данные о физических состояниях и изменениях на теле. Кроме того, можно использовать компьютерные технологии, такие как трехмерное моделирование, сканирование или реконструкцию. Эти методы позволяют создавать точные и реалистичные визуализации, с помощью различных инструментов и программного обеспечения (графические программы для обработки и анализа изображений, трехмерные моделировочные пакеты, компьютерные томографы или даже виртуальная реальность). Они позволяют создавать детальные и реалистичные визуализации физических состояний тела.

Визуализация является неотъемлемой частью процесса телесовмещения. Она позволяет создавать наглядные и понятные визуализации физических состояний тела, которые помогают в анализе, интерпретации и использовании данных.

Определение маркировки при телесовмещении. Маркировка при телесовмещении представляет собой процесс присвоения уникальных идентификационных меток физическим объектам или областям тела. Цель маркировки заключается в создании системы, позволяющей точно

определить и отслеживать физические состояния или особенности тела во время телесовмещения. Маркировка может быть выполнена с помощью различных методов и инструментов.

Методы маркировки. Существует несколько методов маркировки при телесовмещении. Один из наиболее распространенных методов – это использование маркировочных меток или ярлыков, которые прикрепляются к физическим объектам или телу. Метки могут быть выполнены из различных материалов, таких как пластик, бумага или ткань, и содержать уникальные идентификационные данные. Кроме того, можно использовать техники нанесения маркировки, такие как нанесение красок, татуировки или лазерная гравировка.

Маркировка является неотъемлемой частью процесса телесовмещения и играет важную роль в обеспечении точности, надежности и последовательности исследования. Она позволяет идентифицировать и отслеживать физические состояния или особенности тела, а также обеспечивает легкость доступа и повторного использования данных. Использование правильных методов и инструментов для маркировки является ключевым аспектом успешного телесовмещения.

В судебной медицине телесовмещение применяется для документирования и визуального представления травм, полученных жертвами преступлений или несчастных случаев, его результаты могут выступать в качестве доказательств при раскрытии и расследовании преступлений.

Телесовмещение способствует повышению объективности и достоверности расследования. Путем использования физических доказательств и воспроизведения событий специалисты могут представить независимую и объективную картину происшедшего. Это помогает исключить предвзятость или субъективные предположения и обеспечить справедливость в судебном процессе.

Телесовмещение играет важную роль в уголовном судопроизводстве. Этот метод исследования позволяет установить достоверные и объективные доказательства, идентифицировать виновных лиц и проверять различные версии событий. Телесовмещение способствует реализации принципов справедливости и объективности судебного процесса.

§ 2.2. Стоматологическая идентификационная экспертиза

Стоматологическая идентификация – раздел судебной медицины, позволяющий с точностью установить личность по скелетированным останкам или по рентгеновским снимкам челюстей и зубов. К сожалению, в российской правоприменительной практике такой способ идентификации личности не имеет широкого распространения, несмотря на то, что судебная стоматология была отправной точкой в создании судебной медицины в целом.

Стоматологическая идентификация основана на строго индивидуальном строении зубочелюстного аппарата каждого человека. С момента рождения и с начала прорезывания зубов формируется определенное строение челюсти и расположение на ней зубов². На этот процесс влияет множество факторов: генетические, особенности кормления, развитие речевых навыков и т. д. Некоторые заболевания могут кардинально менять строение зубочелюстного аппарата, например, аденоиды. И все это к 16-18 годам формирует сложившийся комплекс признаков, сопровождающий человека всю жизнь. Отдельные факторы, например, удаление зубов, несколько изменяет идентификационную значимость, но в целом грубых изменений в течение жизни уже не происходит.

Нормальный прикус – верхние резцы на 1/3 перекрывают нижние – ортогнатия, если нижняя челюсть выдвинута вперед – прогения, если резцы смыкаются – прямой прикус. Однако это далеко не единственный показатель строения зубочелюстного аппарата.

Индивидуальность зубочелюстного аппарата определяется, прежде всего, формой. Она отличается у мужчин и у женщин: мужчины – U-образная, женщины – V-образная. Далее в зависимости от вышеуказанных факторов происходят преобразования челюстей высокой вариабельности³. Некоторые из них представлены на рис. 34.

² Бетельман А.И., Позднякова А.И., Мухина А.Д. и др. Ортопедическая стоматология детского возраста. Киев, 1965. 407 с.

³ Персии Л.С. Ортодонтия. Виды зубочелюстного аномалий. М., 1996; Персии Л.С., Аникиенко А.А. Виды зубочелюстного аномалий. Классификации. М., 1999. С. 75–90.

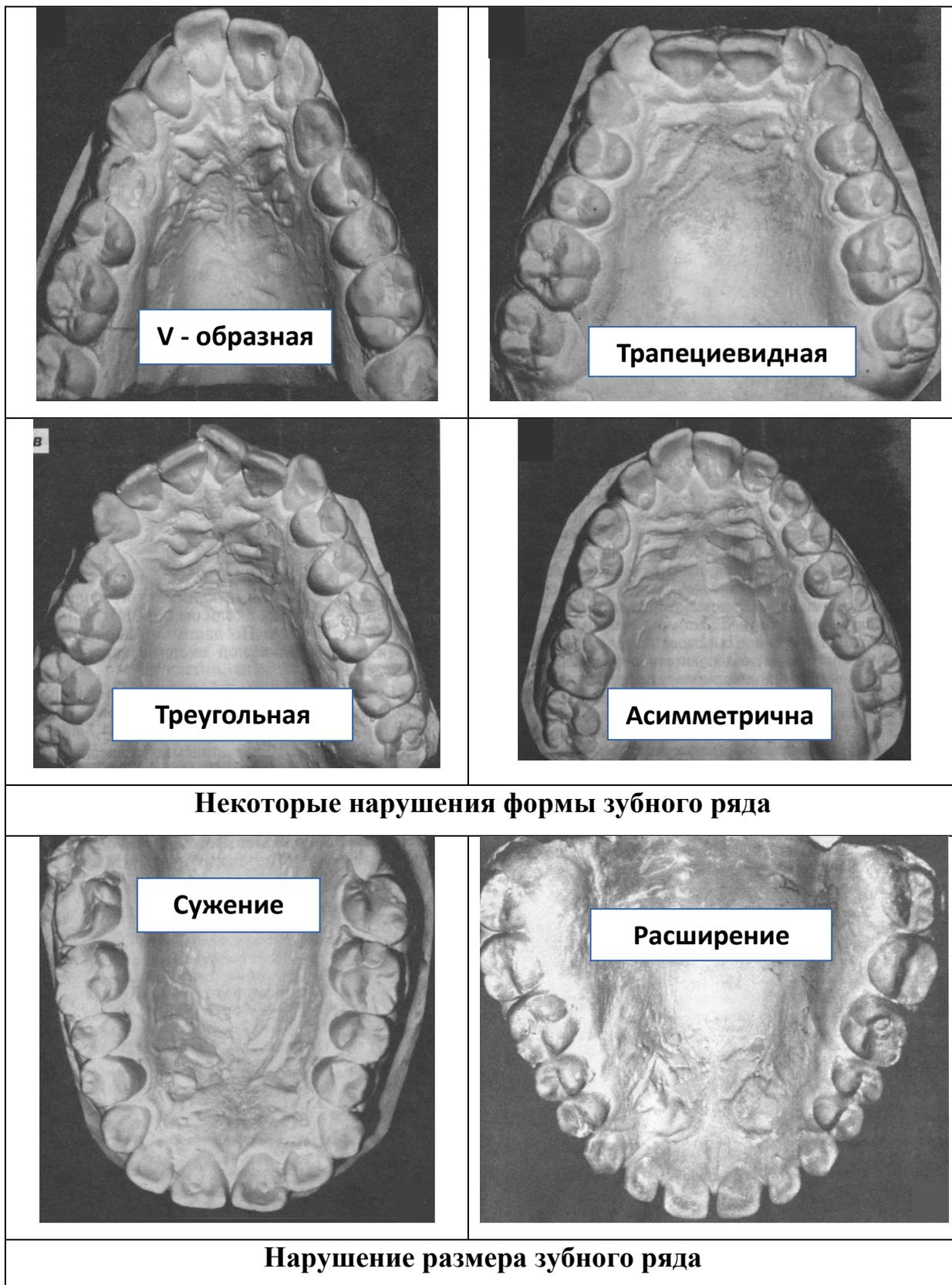


Рис. 34. Нарушения формы и размера зубного ряда

Вторую немаловажную составляющую, конечно же, играют зубы. Их количество, расположение, отклонение от срединной линии, а также «наезды» зубов друг на друга, определяют строгую индивидуальность каждого конкретного человека (рис. 35).



Рис. 35. Некоторые отклонения в расположении и количестве зубов.

Некоторые люди имеют «щели» между резцами – диастемы, или боковыми зубами – тремы (рис. 36)⁴.

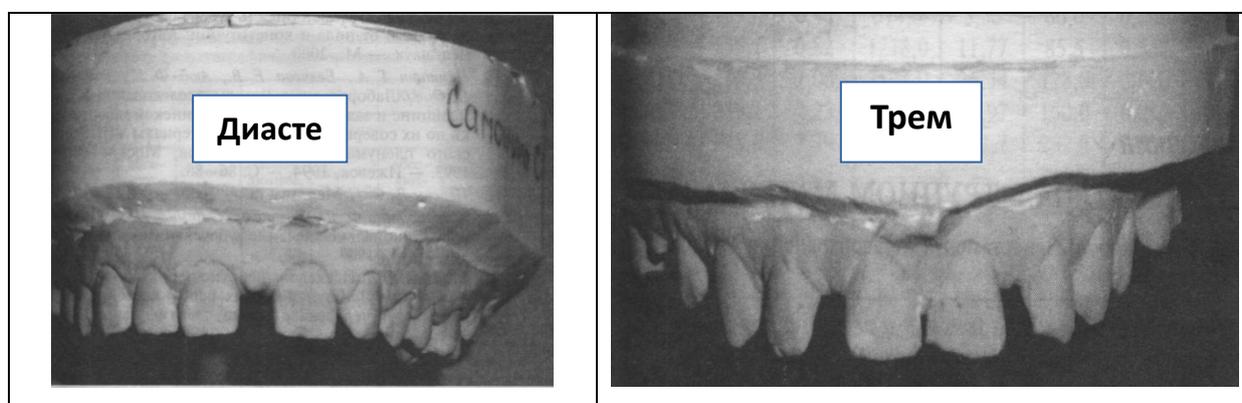


Рис. 36. Диастема и тремы

Все это в совокупности также индивидуализирует зубочелюстной аппарат и позволяет установить личность конкретного человека. Но возможности стоматологической идентификации не ограничиваются

⁴ Калвелис Д.А. Ортодонтия. М., 1964.

изготовлением слепков. С внедрением в медицину рентгеновской диагностики появилась возможность изготовления пантограмм челюстей – круговых снимков⁵. Пантограммы также являются достаточными для проведения идентификационного исследования (рис. 37).



Рис. 37. Рентгенограмма (пантограмма) челюстей

В случае же отсутствия рентгенограмм и слепков стоматологическая идентификация может дать информацию о возрасте человека. В процессе жизнедеятельности жевательные поверхности зубов стираются⁶. Стертость до определенного уровня происходит к определенному возрасту, это и заложено в основу в данном способе. Но надо учитывать изношенность зубов на верхней челюсти. Ввиду того, что нижняя челюсть является подвижной, изнашиваемость зубов на ней несколько выше. Наиболее распространенным способом установления возраста по изнашиваемости жевательной поверхности зубов является табличный. Например, таблица П.А. Маскина (рис. 38). Существуют и другие таблицы: по М.М. Герасимову, Н.Наishi, Takeietal, Токэй, Хаяши, Сонг.

⁵ Фальк Ф., Малыгин Ю.М., Френкель К. Диагностика и функциональное лечение зубочелюстно-лицевых аномалий. М.,1987. С. 112.

⁶ Справочник по ортодонтии / под ред. проф. М.Г. Бушана. Кишинев, 1990. С. 108–121.

Последовательность стирания поверхностей зубов

Зубы	Признак	Годы	Оценка степени стирания исследуемых зубов
Резцы	незначительная стертость на жевательной поверхности	25	
Резцы, премоляры, моляры	небольшое обнажение дентина резцов с начальными явлениями стирания бугров жевательных зубов	30	
Резцы, премоляры, моляры	резкое обнажение дентина резцов, выраженная стертость бугров жевательных зубов	35	
Резцы, премоляры, моляры	уменьшение высоты резцов за счет стертости, обнажение дентина жевательных зубов	40	
Резцы, премоляры, моляры	выраженная стертость резцов и жевательных зубов, выпадение отдельных коренных зубов	45	
Премоляры, моляры	постепенное кратерообразное углубление центрального отдела жевательных зубов	50	
Премоляры, моляры	значительная стертость выравнивает поверхность жевательных зубов	60	

*Рис. 38. Определение возраста по степени стирания отдельных зубов
(П.А. Маскин)*

Таким образом, возможности стоматологической идентификации личности достаточно широки. К тому же добавляется преимущество относительной дешевизны проводимого исследования. В Европейских странах, в США и Канаде стоматологический способ идентификации

личности является одним из приоритетных. Существует даже обмен стоматологической информацией между странами, например, между Канадой и США, что связано с большими миграционными потоками. В России такой способ идентификации находится на уровне информационной подготовки. Этому способствует ряд причин. Во-первых, не разработана законодательная база, регламентирующая порядок, ведение, учет и использование стоматологической информации. То есть каждая стоматологическая клиника при обращении пациента должна вести учет рентгенограмм до и после прохождения лечения и направлять снимки в единую базу данных с указанием паспортных данных и даты прохождения стоматологических процедур. Таким образом учитывались бы изменения в стоматологическом статусе человека с течением времени. Во-вторых, в связи с большим количеством частных стоматологических клиник при наличии рентгенограммы челюстей неизвестного лица найти клинику, в которой оно проходило лечение, становится невыполнимой задачей.

Все вышесказанное свидетельствует о том, что стоматологическая идентификация незаслуженно редко применяется в нашей стране.

ГЛАВА 3. НОВЕЙШИЕ И МОДЕРНИЗИРОВАННЫЕ СПОСОБЫ ИДЕНТИФИКАЦИИ ЛИЧНОСТИ

§ 3.1. Рентгенологическая идентификация

Рентгенологическая идентификация – это метод идентификации человека, основанный на анализе рентгеновских изображений скелета. Этот метод широко применяется в медицинской и судебной практике для установления личности, его возраста, а также для идентификации останков.

Уникальные особенности скелета человека, такие как форма, размеры и расположение костей, при сравнении рентгеновских снимков исследуемого объекта с существующими данными о скелете человека позволяют сделать вывод о совпадении или различии. Рентгенологическая идентификация базируется на принципе относительной стабильности структуры скелета на протяжении жизни человека и его неподверженности значительным изменениям. Это позволяет использовать рентгеновские снимки, полученные в разные периоды времени, для сравнения и идентификации личности.

Таким образом, основная идея рентгенологической идентификации заключается в использовании уникальных особенностей скелета человека для установления его личности или идентификации останков. Этот метод является важным инструментом в судебной медицине, антропологии, археологии и других науках, где идентификация личности имеет большое значение.

Судебно-медицинская идентификация. В случаях, когда личность человека не может быть установлена иными способами, рентгенологическая идентификация может помочь идентифицировать личность посредством сравнения рентгеновских снимков зубов, черепа, позвоночника или других костных структур с медицинскими записями или данными ранее установленной личности.

В судебной медицине рентгенологическая идентификация используется для следующих целей:

1) при обнаружении скелетных останков рентгенологическое исследование может помочь установить их принадлежность к конкретному человеку. Сравнение рентгеновских снимков скелета жертвы с ранее полученными данными или медицинскими записями позволяет сделать вывод о совпадении идентифицирующих признаков;

2) рентгенологическое исследование может помочь выявить повреждения костей, пулевые ранения, переломы и другие травматические повреждения, которые могут быть связаны с причиной смерти;

3) рентгенологическое исследование позволяет выявить особенности скелета, которые могут служить идентификационными маркерами, например, уникальные формы или аномалии костей. Эти маркеры могут быть использованы для сравнения с данными о конкретном человеке или для сопоставления с другими медицинскими записями;

4) рентгенологическое исследование может помочь в процессе судебной реконструкции, которая направлена на воссоздание хронологии событий или определение обстоятельств, связанных со смертью или травмами. Анализ рентгеновских снимков может дать информацию о травматических повреждениях костей, их характере и особенностях.

Таким образом, рентгенологическая идентификация играет важную роль в судебно-медицинской идентификации, обеспечивая точные данные о структуре скелета, повреждениях и других идентификационных маркерах. Она помогает судебным экспертам установить личность, причины смерти и другую важную информацию, которая может быть использована в уголовном судопроизводстве.

В медицинской практике рентгенологическая идентификация используется для следующих целей:

– археология и антропология: для исследования останков и скелетных останков археологических находок. Анализ рентгеновских снимков позволяет установить пол, возраст, состояние здоровья и другие характеристики человека;

– исследование скелетных останков: для изучения и анализа скелетных останков, обнаруженных в археологических раскопках. Они позволяют установить возраст, пол, состояние здоровья, наличие травм или патологических изменений в костях;

– определение расы или этнической принадлежности, основываясь на морфологических особенностях костей. Это позволяет археологам и антропологам изучать миграции и взаимодействия различных этнических групп в прошлом;

– идентификация жертв катастроф. При массовых катастрофах, таких как крушения судов или природные бедствия, рентгенологическая идентификация может быть использована для определения личности жертв путем сравнения их рентгеновских снимков с предварительно полученными медицинскими данными и записями;

– идентификация человеческих останков, которая представляет собой процесс определения личности человека по останкам его тела. Для данного вида идентификации используются такие методы и техники, как:

а) антропологический анализ: изучение костей и скелетных останков для определения возраста, пола, расы, роста и других антропологических характеристик;

б) судебно-медицинская экспертиза, в ходе которой эксперт проводит детальный анализ останков с целью определения причины смерти, травм и др.;

в) ДНК-анализ (ДНК-идентификация) является одним из наиболее надежных методов определения личности по останкам. С помощью ДНК-анализа можно сравнивать образцы ДНК, неопознанного трупа с образцами ДНК родственников или иных источников для установления генетической связи и идентификации личности;

– дентальная идентификация: идентификация по зубам является одним из методов определения личности. Он основан на сравнении строения зубного аппарата, состояния зубов, протезов и других характеристик с медицинскими записями, рентгеновскими снимками или данными стоматологических идентификационных баз данных.

Все вышеперечисленные способы и методы рентгенологической идентификации способствуют раскрытию и расследованию преступлений, оказывая содействие в идентификации отдельных личностей; играют ключевую роль в уголовном судопроизводстве, являясь независимыми и объективными данными, которые могут быть использованы в качестве доказательств в судебных процессах, способствуя реализации принципов уголовного судопроизводства.

§ 3.2. Лазерная масс-спектрометрия

Масс-спектрометрия – физико-химический способ анализа нелетучих сложномолекулярных соединений, таких как белки, углеводы, пептиды. Данный метод появился сравнительно недавно. В 1987 г. группой немецких ученых – М. Караса и Ф. Хилленкампа⁷ – была впервые продемонстрирована возможность подавления фрагментации при анализе нелетучих органических соединений⁸. Позднее японскими учеными был разработан метод МАЛДИ – матрично-активная лазерная десорбция (ионизация). В академических науках, биологии и химии, данный метод хорошо себя зарекомендовал при решении различных задач, однако внедрение его в судебную медицину происходит только сейчас, и не очень успешно, несмотря на его высокую результативность.

В основном масс-спектрометрия в судебной медицине ориентирована на анализ костной ткани. Ранее его проводили путем предварительной минерализации биоматериала, как в открытых системах, так и в химических автоклавах, с последующим анализом полученных растворов с применением различных методов. Но при исследовании такими методами происходило разрушение органической структуры из-за предварительной минерализации, что делало невозможным в дальнейшем получение полных данных о составе всей пробы, т. к. терялись некоторые элементы. Это является существенным недостатком данного метода.

Лазер может использоваться как источник ионизации проб, которые при определенных параметрах излучений позволяют проводить анализ всех элементов периодической системы Д.И. Менделеева. Соответственно, рационально использовать метод лазерной масс-спектрометрии при анализе костной ткани.

⁷ Карас М., Бахманн Д., Бахр Д. и др. Матричная ультрафиолетовая лазерная десорбция нелетучих соединений // Вн. J. MassSpectrom. Ионные процессы. 1987. № 78. С. 53–68.

⁸ Назаров Г.Н., Макаренко Т.Ф. Методы спектрального анализа в судебной медицине. М., 1994. С. 230–244.

С помощью данного метода по маленькой частице костного вещества можно определить расу, территориальное происхождение, пол, возраст, принадлежность этой частицы к определенной части скелета.

Метод лазерной масс-спектрометрии иначе называется MALDI (matrix-assisted laser desorption/ionization mass spectroscopy) – лазерная десорбционно-ионизационная масс-спектрометрия с участием матрицы. Преимуществом данного метода является то, что он не требует освобождения от органической части биологического материала. Поэтому подготовка к проведению экспертизы таким методом довольно проста и заключается лишь в высушивании образца и отбирания необходимого количества.

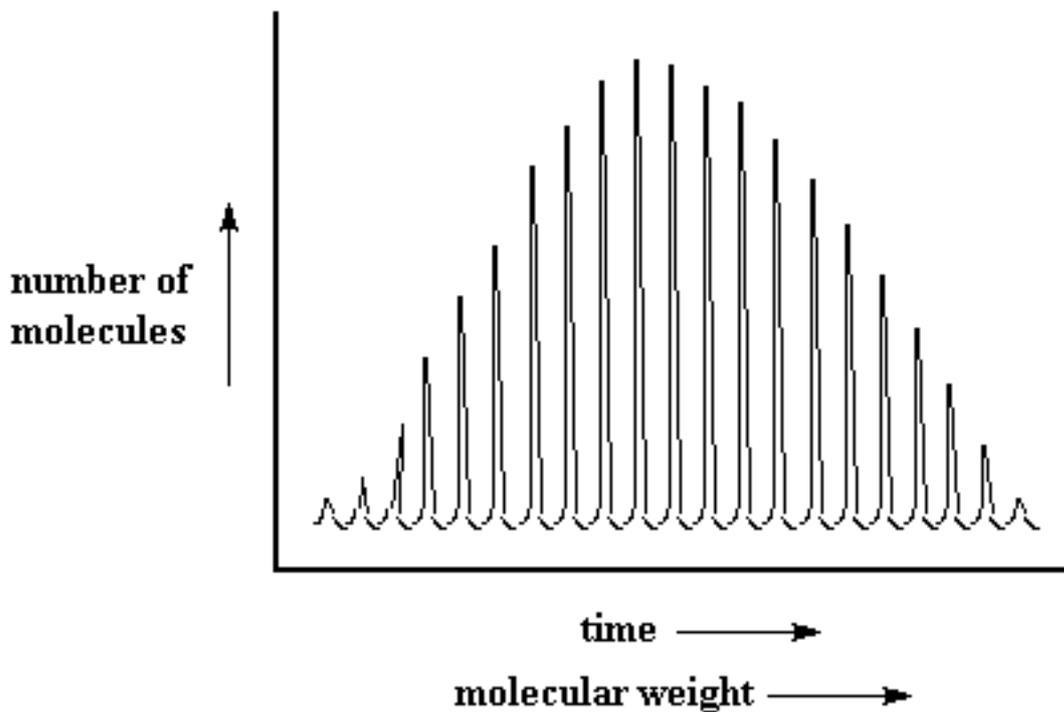
Процесс проведения такого исследования включает в себя несколько этапов. Первый этап – это расщепление вещества в растворителе, выбор которого зависит от того, какое вещество подлежит исследованию. Так как при криминалистической экспертизе исследуются в основном костные ткани, которые на 90 % состоят из белков (иначе их еще называют протеинами), то растворителем будет выступать смесь воды и ацетонитрила (70:30). Кроме того, необходимо добавить особое вещество, хорошо поглощающее ультрафиолетовый свет, например, В-фенилакриловая кислота или 2,5-диоксибензойная кислота. Все эти компоненты соединяются, образуя единый раствор.

На втором этапе созданный раствор помещается в вакуумную камеру, откуда откачивается практически весь воздух, вследствие чего весь растворитель испаряется, в то же время полимеры белка вместе с кислотой образуют слой химического соединения. Таким образом, белковые полимеры оказываются рассредоточенными в матрице из вещества, поглощающего ультрафиолет.

Третий этап заключается в том, что полученное соединение облучается лазером с волнами ультрафиолетового света, который поглощается матрицей. Полученная энергия передается также и полимерам, которые в связи с этим и ввиду взаимодействия с материалом матрицы становятся заряженными частицами – ионами. Поглотив всю энергию, под действием высокой температуры и низкого давления полимеры-белки испаряются, переходя в газообразное состояние.

В вакуумной камере расположены два электрода: отрицательный (анод) и положительный (катод), между которыми и происходит испарение полимеров. При этом положительно заряженные частицы (катионы) будут двигаться к отрицательному (аноду), и наоборот, отрицательно заряженные частицы (анионы) будут двигаться к положительному (катоде). Но т. к. молекулы белка обладают разной массой, притягиваться они будут с разной скоростью – чем больше масса, тем меньше ускорение. Поэтому на детектор, расположенный все в той же вакуумной камере, сначала попадут более легкие молекулы, а затем более тяжелые. Когда полимеры попадают на детектор, фиксируется всплеск. Все это выглядит в виде амплитуд всплеска, которые зависят от числа молекул, попадающих на детектор.

В итоге получается следующий график:



На основании такого графика устанавливается состав всех элементов таблицы Менделеева, содержащихся в костных останках, что необходимо для использования полученных результатов при идентификации личности по костным останкам.

По итогам исследования устанавливается молекулярная основа костной ткани, по которой могут быть установлены возрастные особенности, пол, а также наличие некоторых заболеваний. Необходимо

отметить, что на содержание данных элементов может оказывать влияние территория проживания, а также причина смерти.

Подводя итог, следует отметить необходимость сбора микроскопических частей скелета и назначения подобной экспертизы, т. к. она дает большой массив информации, позволяющий установить половую принадлежность, часть тела из которой получены образцы (останки), а также личность погибшего и возможную причину смерти.

§ 3.3. Идентификация по голосу

Идентификация по голосу основана на использовании индивидуальной структуры голосового аппарата, в которую входят: темп; громкость и интонация голоса; размер, форма горла и рта; строение голосовых связок. Следует учитывать, что голос относится к «поведенческим идентификаторам» и поэтому не позволяет добиться точности и достоверности результата. Обусловлено это тем, что на протяжении жизни речевой аппарат подвержен изменениям под воздействием следующих факторов:

- эмоциональное состояние человека;
- состояние здоровья (ангина, насморк, фарингит);
- внешние условия (посторонние шумы, разговоры других людей).

Помимо вышеуказанных недостатков существует и ряд других. Так, голос, в отличие от папиллярных узоров, имеет свойство изменяться с возрастом. Надежность идентификационной системы зависит от качества канала передачи речевого сигнала, т. е. от частотного диапазона, уровня искажений и шумов. Проведение фоноскопических экспертиз используется в процессе раскрытия и расследования отдельных преступлений, а заключение экспертизы выступает в качестве доказательства в уголовном судопроизводстве. Таким образом, с помощью данного вида экспертизы возможно доказать или опровергнуть факт, что голос и речь на фонограмме принадлежат конкретному лицу.

В настоящее время голосовые технологии для биометрики находят применение не только в правоохранительной деятельности, но и в системах безопасности, в банковских технологиях. Речь – это сигнал,

возникающий в результате преобразований, происходящих на нескольких различных уровнях: семантическом, лингвистическом, артикуляционном и акустическом. Как известно, источником речевого сигнала служит речевой тракт, который возбуждает звуковые волны в упругой воздушной среде. Под речевым трактом обычно подразумевается орган речеобразования, расположенный над голосовыми связками. Как видно из рисунка, речевой тракт состоит из гортаноглотки, ротоглотки, ротовой полости, носоглотки и носовой полости.

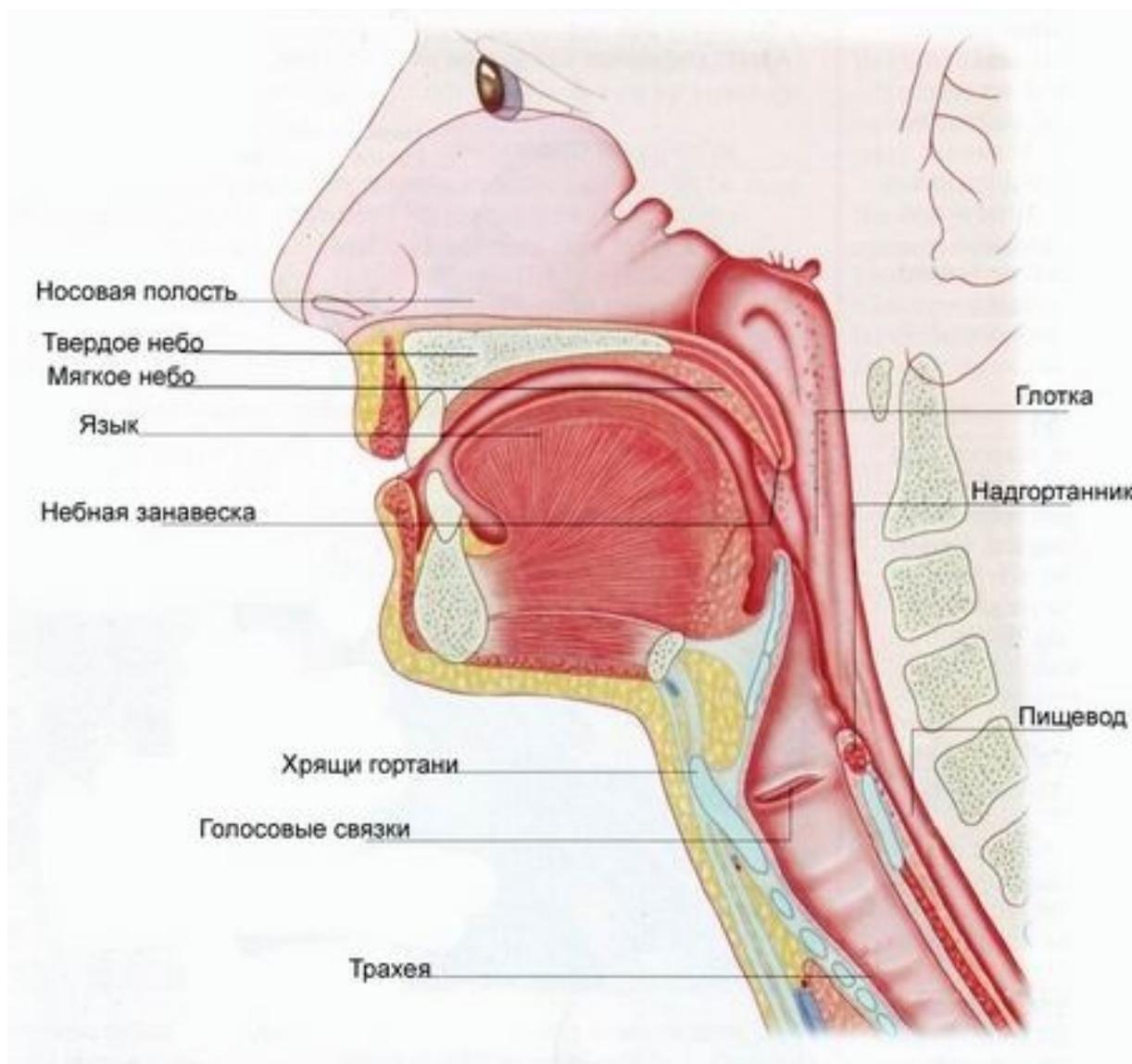


Рис. Строение речевого тракта человека

Голос человека возникает при прохождении воздуха из легких через трахею в гортань, мимо голосовых связок, и далее в глотку и рот и носовую полость. Когда звуковая волна проходит через речевой тракт,

ее частотный спектр изменяется под действием колебаний речевого тракта. Колебания речевого тракта называются формантами. Системы верификации диктора обычно распознают отличительные признаки речевого сигнала, которые отражают индивидуальную особенность мышечной активности речевого тракта личности.

Рассмотрим более подробно систему верификации диктора. Верификация личности по голосу – это определение, является ли говорящий тем, кем он представляется. Пользователь, ранее зарегистрированный в системе, произносит свой идентификатор, который представляет собой регистрационный номер, парольное слово или фразу. При текстозависимом распознавании парольное слово известно системе, и она «просит» пользователя произнести его. Парольное слово отображается на экране, и человек произносит его в микрофон. При текстонезависимом распознавании произносимое пользователем парольное слово не совпадает с эталонным, т. е. в качестве пароля пользователь может произносить произвольное слово или фразу. Система верификации принимает речевой сигнал, обрабатывает его и решает, принять или отклонить предъявляемый пользователем идентификатор. Система может сообщить пользователю о недостаточной степени совпадения его голоса с имеющимся эталоном и попросить произнести дополнительную информацию, чтобы принять окончательное решение.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Для установления личности преступника либо идентификации личности неопознанных погибших применяется множество различных методов, начиная с предъявления для опознания и заканчивая новейшими, такими как спектрометрия. В решении сложных задач идентификации указанных категории лиц первостепенное значение имеет разработка следственной и экспертной методик процесса идентификации, построенных на прочной научной базе криминалистических и смежных с ней наук: судебной медицины, биологии, антропологии, физиологии и других наук, обеспечивающих достаточное установление идентификационной информации. В настоящее время отмечается положительная тенденция интеграции в криминалистику и судебную экспертизу знаний из других наук. В процессе раскрытия и расследования преступлений используются качественно новые технологии в целях идентификации человека, существует определенная потребность в использовании объективной доказательной базы, полученной экспертно-криминалистическими методами и средствами, а также необходимость дальнейшего повышения эффективности и совершенствования такого приоритетного направления, как экспертно-криминалистические учеты. Активно используются дактилоскопические базы данных, ведется учет данных ДНК биологических объектов, который позволяет установить конкретное лицо путем сопоставления профиля ДНК, содержащейся в объектах биологического происхождения (волосы, слюна, кровь, и т. д.), изъятых на месте происшествия, с информационной базой данных.

Очевидно, что возможности любой базы данных возрастают при увеличении количества содержащихся в ней учетных записей. Увеличение количества генотипов, помещенных в базу данных ДНК биологических объектов, позволит более эффективно осуществлять поиск лиц, причастных к событию преступления, и, соответственно, более качественно и оперативно раскрывать и расследовать преступления. Кроме того, расширение указанной базы данных позволит наиболее

эффективно идентифицировать личности неопознанных трупов. В настоящее время определен лишь узкий круг лиц, подлежащих обязательной геномной регистрации.

Пополнению таких баз будет способствовать и полный сбор всех возможных образцов, и их всестороннее исследование с использованием новейших методов, что может быть обеспечено только качественной работой следователя и эксперта, имеющих определенный уровень как теоретической, так и практической подготовки.

Внедрение научно-технического прогресса в идентификацию личности играет важную роль в процессе раскрытия и расследования преступлений. Вместе с тем необходимо учитывать и значение потенциальных вызовов, связанных с безопасностью и этикой, что влечет необходимость разработки и принятия соответствующих мер для защиты рассматриваемых видов информации. Только таким образом возможно использовать достижения научно-технического прогресса в идентификации личности с наибольшей эффективностью.

ЛИТЕРАТУРА

Нормативные правовые акты

1. Об организации использования экспертно-криминалистических учетов органов внутренних дел Российской Федерации: приказ МВД России от 10 февраля 2006 г. № 70. Доступ из справ. правовой системы «Гарант».

2. Об утверждении Порядка организации и производства судебно-медицинских экспертиз в государственных судебно-экспертных учреждениях Российской Федерации: приказ Министерства здравоохранения и социального развития Российской Федерации от 12 мая 2010 г. № 346н. Доступ из справ. правовой системы «Гарант».

3. О государственной геномной регистрации в Российской Федерации: федер. закон от 3 декабря 2008 г. № 242-ФЗ. Доступ из справ. правовой системы «КонсультантПлюс».

Учебная, научная литература

1. Альбертс Б., Джонсон А., Льюис Д. и др. Молекулярная биология клетки. М.; Ижевск, 2013.

2. Антиген, взаимодействие с антителом. URL:<http://chem21.info/info/1339109/> (дата обращения: 10.02.2024).

3. Архипкин С.В., Кох И.А., Горбунов Н.С. и др. Антропометрические методики идентификации личности // Сибирский медицинский журнал. 2012. № 5.

4. Баранов В.С., Баранова Е.В., Иващенко Т.Э. и др. Геном человека и гены «предрасположенности». СПб., 2000.

5. Басалаев А.А. Дактилоскопирование мумифицированных трупов: сб. трудов. Т. 3. Каунас, 1973.

6. Генетика и криминалистика. URL: <http://unnatural.ru/> (дата обращения: 12.02.2024).
7. Генетический отпечаток. URL: <http://neuezeiten.rusverlag.de/> (дата обращения: 10.02.2024).
8. Гений одной статьи. Алексей Оловников о старении и иммортализации. URL: <https://narzur.ru> (дата обращения: 17.01.2024).
9. Гросс Г. Руководство для судебных следователей как система криминалистики. СПб., 2008.
10. Гришин М.О. Эволюционная трансформация идентификации личности // Право и государство: теория и практика. 2022. № 4(208).
11. Дымшиц Г.М. Сюрпризы митохондриального генома // Природа. 2002. № 6.
12. ДНК как способ создать точный фоторобот человека. URL: <https://progress.online/nauka/593-dnk-kak-sposob-sozdat-tochnyy-fotorobot-cheloveka/> (дата обращения: 19.01.2024).
13. Манин А.И., Баринов Е.Х., Ромодановский П.О. Идентификация личности по особенностям стертости зубов. URL: <https://cyberleninka.ru/article/n/identifikatsiya-lichnosti-po-osobennostyam-stertosti-zubov> (дата обращения: 25.10.2023).
14. Серго В.В., Снежкова Ж.Ю. К вопросу о реорганизации баз данных дактилоскопических учетов // Юрист-Правоведь. 2022. № 1(100).
15. Попов В.В. Идентификация личности молекулярно-генетическими методами // Юрист-Правоведь 2018. № 3(86).
16. Попов В.В., Тройченко Ю.Ю. Психологический портрет как способ идентификации личности. URL: <https://cyberleninka.ru/article/n/psihologicheskiy-portret-kak-sposob-identifikatsii-lichnosti> (дата обращения: 24.01.2024).
17. Идентификация личности в судебной медицине. URL: <http://medical-enc.ru/> (дата обращения: 31.01.2024).
18. Кайсер М. Судебное фенотипирование ДНК: предсказание присутствия человека по материалам с места преступления

в следственных целях // Международная судебная медицина: генетика. 2015.

19. Медико-криминалистическая идентификация: настольная книга судебно-медицинского эксперта / под общ. ред. В.В. Томилина. М., 2000.

20. Молекула ДНК способна помочь в составлении фоторобота. URL: <https://www.nkj.ru/news/24065/>

21. Тимме М., Тимме В.Х., Олзе А. и др. Оценка стоматологического возраста в живых после завершения третьей молярной минерализации: новые данные для критериев Густафсона. Berlin, 2016.

22. Зубаков Д., Лю Ф., Кайзер М. и др. Оценка человеческого возраста от перестановок ДНК Т-клетки // Methods. 2008.

23. Персии Л.С. Ортодонтия. Виды зубочелюстного аномалий. М., 1996; Персии Л.С. Аникиеенко А.А. Виды зубочелюстного аномалий. Классификации. М., 1999.

24. Подробно о метилировании ДНК. Недостаточное и избыточное метилирование. URL: // <https://2gym.net> (дата обращения: 19.01.2024).

25. Маркес-Руис А.Б., Гонсалес-Эррера Л., Валенсуэла А. Полезность длины теломер в ДНК зубов человека для оценки возраста. Berlin, 2017.

26. Реконструкция облика человека по ДНК. URL: <http://www.balto-slavica.org/forum/index.php?showtopic=5292/> (дата обращения: 26.02.2024).

27. Рыскина Е.А., Чернов Н.Н., Епифанова А.А. и др. Полиморфизм и полифункциональность антигенов АВ0 системы крови // Вестник РУДН. Серия: Медицина. 2011. № 4.

28. Уолш С. и др. Система HirisPlex для одновременного прогноза цвета волос и глаз по ДНК // Международная судебная медицина: генетика. 2013.

29. Уолш С., Кайсер М. Практическое руководство по системе NIrisPlex: одновременный прогноз цвета глаз и волос по ДНК // Наука Спрингера и деловые СМИ Нью-Йорка. 2016.

30. Частикова В.А., Жерлицын С.А., Войлова Д.О. Нейросетевая система биометрической идентификации личности по голосу // Вестник Адыгейского государственного университета. Серия 4: Естественно-математические и технические науки. 2023. № 1(316).

Учебное издание

Бондарева Галина Викторовна
кандидат юридических наук, доцент;
Дудниченко Анна Николаевна
кандидат юридических наук;
Малянова Карина Петровна
кандидат юридических наук.

**ВНЕДРЕНИЕ ДОСТИЖЕНИЙ НАУЧНО-ТЕХНИЧЕСКОГО
ПРОЦЕССА В ИДЕНТИФИКАЦИЮ ЛИЧНОСТИ**

Учебно-практическое пособие

Редактор *В.А. Ковальчук*
Корректор *Л.Н. Кожоридзе*
Технический редактор *В.А. Ковальчук*
Компьютерная верстка – *Е.Е. Пелехатой*

Подписано в печать 30.05.2024.
Формат 60x84/16. Объем 3 п. л. Набор компьютерный.
Гарнитура Times New Roman. Печать лазерная.
Бумага офисная. Тираж 50 экз. Заказ № 82.
Редакционно-издательское отделение НИиРИО
ФГКОУ ВО РЮИ МВД России.
Отпечатано в ГПиОП НИиРИО
ФГКОУ ВО РЮИ МВД России.
344015, г. Ростов-на-Дону, ул. Еременко, 83.

ISBN 978-5-89288-531-7

