

# **Молекулярная диагностика и генотипирование**

**Корсакова И.И.**

**Генодиагностика** – это совокупность методов, позволяющих обнаруживать и распознавать генетические изменения (дефекты) в клетках, а также выявлять по специфическим генам возбудителей болезней на ранних этапах заболевания.

**Генодиагностика** – обнаружение инфекционного агента путем идентификации нуклеотидной последовательности его генома.

## **ПРЕИМУЩЕСТВА ИСПОЛЬЗОВАНИЯ НУКЛЕИНОВЫХ КИСЛОТ ДЛЯ ДИАГНОСТИКИ**

- **Универсальность генетического кода, а следовательно и процедуры проведения анализа (сходные наборы и операции)**
- **Быстрота в создании наборов реагентов для новых инфекционных агентов (атипичная пневмония, птичий грипп, коронавирусная инфекция COVID-19)**
- **Возможность получения высокой чувствительности и специфичности анализа (амплификационные методы)**
- **Одновременная качественная или количественная детекция нескольких инфекционных агентов**
- **Интенсивное развитие методов: новые технологии выделения, амплификации, детекции (оборудование, биочипы)**

**Генетическим, или ДНК-типированием, называют определение особенностей генотипа организма путем анализа ДНК его генома. В процессе ДНК-типирования определяют особенности первичной структуры ДНК исследуемого организма в конкретных генетических локусах. У каждого вида организмов имеется большое число внутривидовых различий в первичной структуре ДНК отдельных генетических локусов.**

**Генетические локусы, выполняющие одну и ту же функцию (содержащие один и тот же ген или несколько генов), но различающиеся по первичной структуре ДНК, называют полиморфными, а само явление существования в популяции полиморфных локусов получило название генетического полиморфизма.**

**Генотипирование** — это метод, позволяющий на основе изучения ДНК комплексно проанализировать уникальный для каждого организма генотип (представляющий собой характерную для конкретной особи совокупность генов, отличающую их одну от другой).

Суть данного метода состоит в исследовании вариаций генетического кода, которые имеют место, поскольку гены, являющиеся структурной и функциональной единицей наследственности и контролирующие развитие тех или иных признаков или свойств, подвержены изменениям за счёт ротации последовательности нуклеотидов в цепи ДНК.

**Молекулярно-генетическое типирование** является методом выбора в следующих ситуациях:

- при расследовании острых и хронических вспышек инфекций;
- в процессе верификации результатов фенотипических методов внутривидового типирования (в частности, антибиотикотипирования, резистенс-типирования), направленного на выявление госпитальных штаммов;
- при слежении за циркуляцией международных эпидемических клонов в пределах территориальных единиц, субъектов РФ и на национальном уровне.

**Проведение молекулярно-генетического типирования обязательно при оценке идентичности изолятов микроорганизмов, выявленных из различных источников, и нерезультативном применении при этом комплекса традиционных (фенотипических) методов.**

## **МЕТОДЫ ГЕНОДИАГНОСТИКИ**

- **Гибридизационный анализ нуклеиновых кислот**
- **Амплификационные технологии**
- **Секвенирование нуклеиновых кислот**

## Методы молекулярно-генетического типирования

- Методы, основанные на полимеразной цепной реакции
- Методы рестрикционного анализа и гибридизации нуклеиновых кислот
- Методы, основанные на секвенировании

# Генодиагностика инфекционных болезней

## ГИБРИДИЗАЦИЯ НУКЛЕИНОВЫХ КИСЛОТ

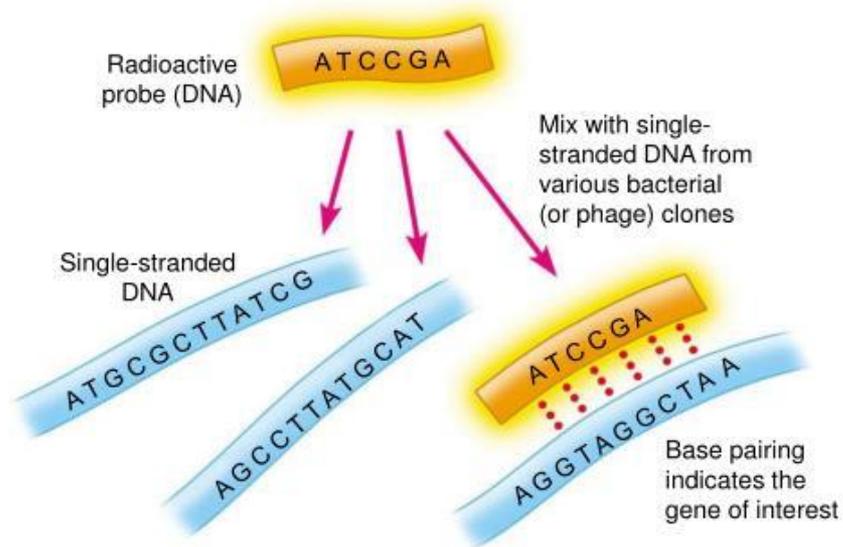
**Метод позволяет различить полностью и частично гомологичные последовательности.**

**Специфичность гибридизации нуклеиновых кислот, часто в сочетании с фракционированием или амплификацией, позволяет выявить нужный ген среди десятков тысяч других или нуклеиновую кислоту возбудителя инфекции даже тогда, когда единственная ее копия приходится на несколько клеток человека.**

**Для выявления гибридизационных зондов используют радиоактивную метку или нерадиоактивные методы.**

# ГИБРИДИЗАЦИЯ НУКЛЕИНОВЫХ КИСЛОТ

A DNA probe tags a gene by base pairing



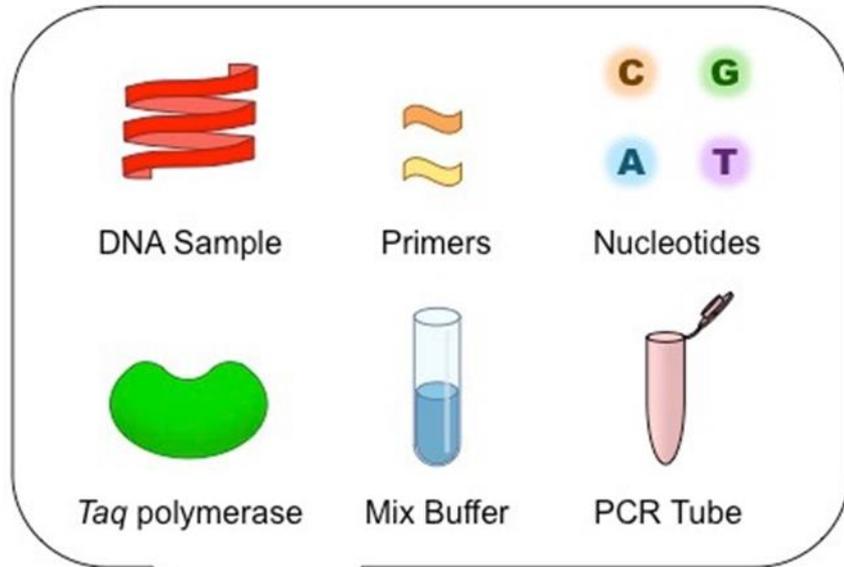
## АМПЛИФИКАЦИОННЫЕ ТЕХНОЛОГИИ

**Полимеразная цепная реакция, ПЦР** (polymerase chain reaction, PCR) - ферментативная реакция, осуществляемая *in vitro* с помощью термостабильной ДНК-полимеразы на матрице ДНК с использованием олигонуклеотидных ДНК-затравок (праймеров), комплементарных нуклеотидным последовательностям противоположных цепей ДНК на границах амплифицируемого участка.

ПЦР представляет собой серию из 3-х циклически повторяющихся реакций: денатурация ДНК, отжиг ДНК-затравок с матрицей и синтез ДНК с помощью ДНК-полимеразы с каждой из затравок навстречу друг другу с использованием противоположных цепей ДНК в качестве матриц. Обычно в сумме осуществляют 20-30 циклов. По завершении каждого цикла количество синтезированного продукта удваивается и происходит увеличение количества анализируемой ДНК в геометрической прогрессии, что позволяет в миллионы раз увеличивать количество изучаемого фрагмента ДНК в пробе.

# АМПЛИФИКАЦИОННЫЕ ТЕХНОЛОГИИ

## PCR Components

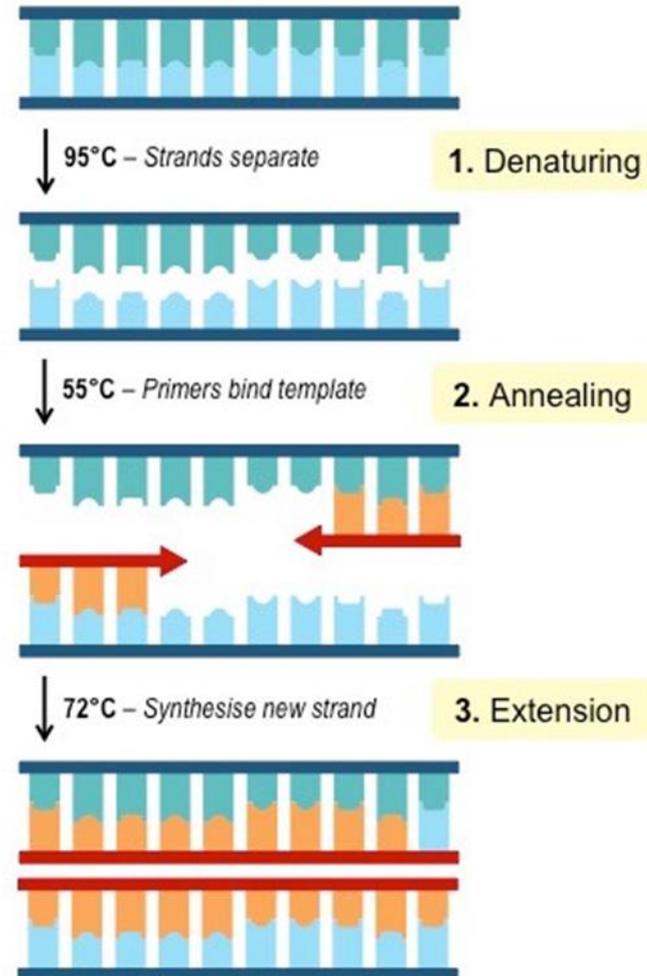


Thermal Cycler



PCR Cycle

## PCR Process (ONE Cycle)



## **АМПЛИФИКАЦИОННЫЕ ТЕХНОЛОГИИ**

**ПЦР позволяет определять малые и сверхмалые количества нуклеиновых кислот, а следовательно, поднимает лабораторную диагностику на принципиально новый уровень - уровень прямого обнаружения инфекционного агента как вирусной, так и бактериальной природы.**

# СЕКВЕНИРОВАНИЕ НУКЛЕИНОВЫХ КИСЛОТ

**Секвенирование** - определение точной нуклеотидной последовательности определенного фрагмента ДНК. Изучаемый фрагмент ДНК (например, продукт ПЦР) играет роль матрицы, на которой при участии праймера, дезоксирибонуклеотид-трифосфатов и ДНК-полимеразы иницируется направленный комплементарный синтез новых молекул ДНК, осуществляемый одновременно в 4-х параллельных реакциях.

Различные платформы секвенирования используются для генотипирования штаммов бактерий и вирусов, типирования близкородственных микроорганизмов, установления источника происхождения штаммов и определения их ландшафтно-географической принадлежности.

Полногеномное секвенирование позволяет судить об организации систем регуляции транскрипции генов и экспрессии белков, наличии факторов патогенности, генов устойчивости к антибиотикам и противовирусным препаратам.

## **Практическое значение генодиагностики инфекционных заболеваний**

**Методы молекулярной диагностики позволяют определить этиологию заболевания (идентификация и типирование возбудителя, выявление патогенетически значимых маркеров возбудителя - антигенов, токсинов, ферментов и др.) и определить наличие лекарственной устойчивости возбудителя. Это ведет к раннему назначению адекватного лечения, что ускоряет выздоровление, предупреждает осложнения, снижает смертность, а также важно для изучения патогенеза инфекционных заболеваний с целью создания новых лечебных и профилактических препаратов, проведения эпиднадзора.**

# Генотипирование возбудителей инфекционных заболеваний

## Методы, основанные на полимеразной цепной реакции

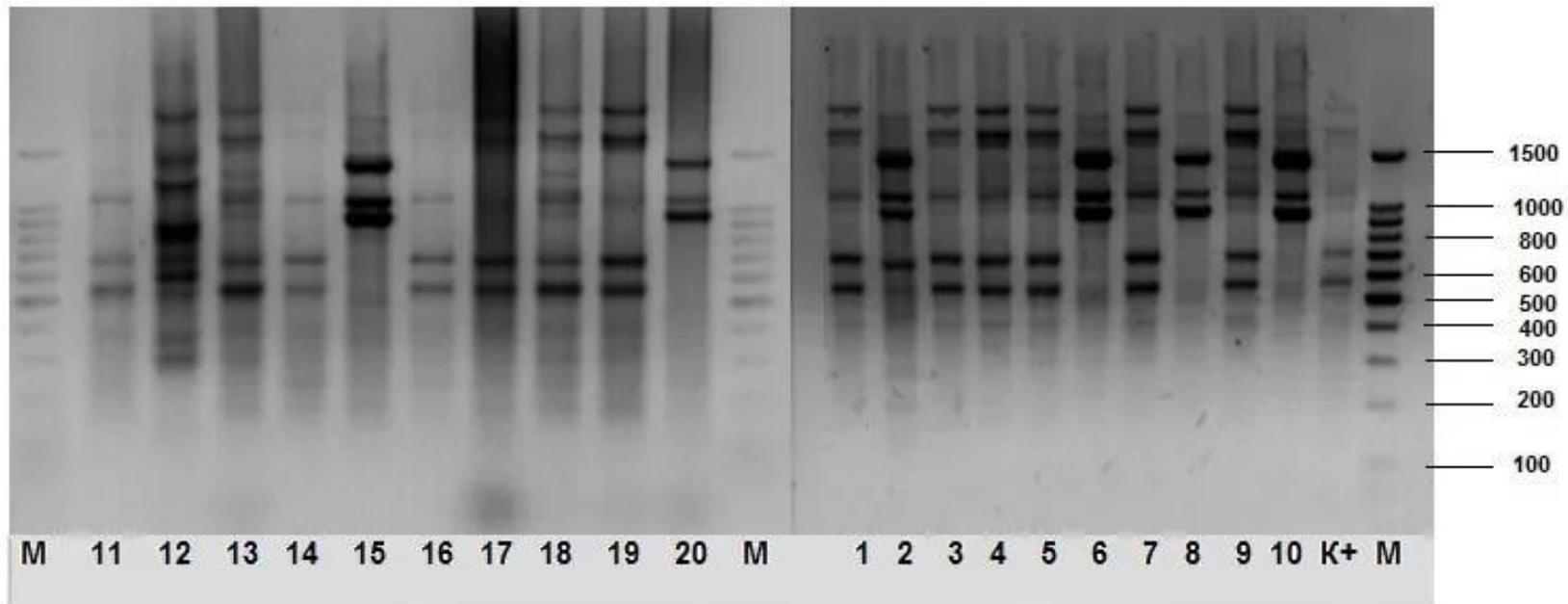
Достаточно широко распространены при использовании в рутинной практике эпидемиологического надзора и при необходимости принятия экстренных решений (например, при расследовании вспышек) в связи с их относительной простотой, экспрессностью и низкой стоимостью. К разновидностям метода генотипирования, основанного на ПЦР, относят методы:

- ПЦР с «произвольными» праймерами (RAPD-ПЦР)
- ПЦР с идентификацией повторяющихся последовательностей ДНК (REP, ERIC-ПЦР)
- мультилокусный анализ VNTR (Variable Number Tandem Repeat) локусов (MLVA).

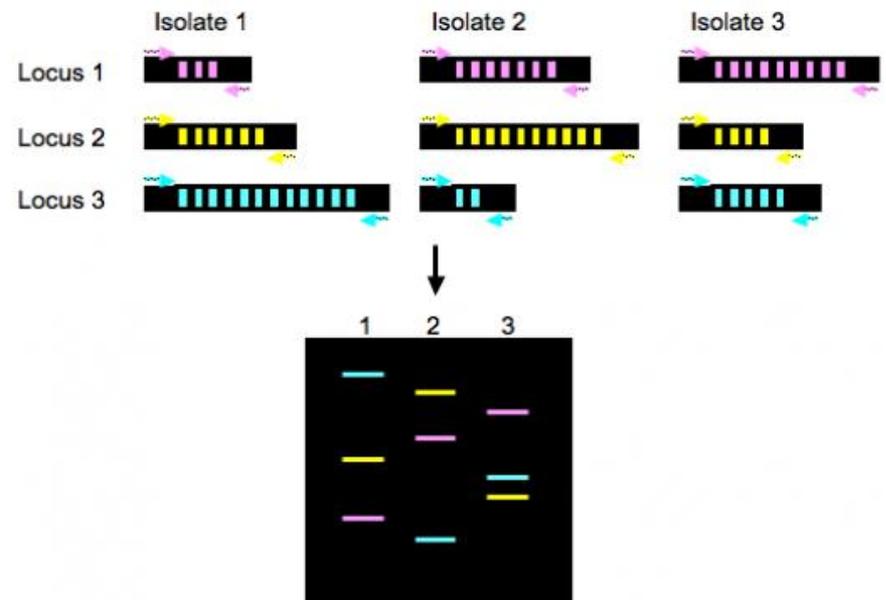
## Методы, основанные на полимеразной цепной реакции

К числу молекулярно-генетических методов, использующих фингерпринты для отнесения культур микроорганизмов к тому или иному штамму, относится метод **RAPD-ПЦР** (от англ. Random Amplification of Polymorphic DNA – избирательная амплификация полиморфной ДНК). Число и локализация комплементарных праймеру участков хромосомной ДНК могут варьировать у штаммов одного вида. Как правило, родственные штаммы имеют одинаковые участки отжига праймера, что обеспечивает синтез ПЦР-продуктов различной молекулярной массы, которые выявляются в виде одинакового набора фрагментов на электрофореграмме.

Наблюдаемый визуально набор полос на электрофореграмме, являющийся специфическим для каждого изучаемого штамма, называется **паттерном** или **фингерпринтом** — геномным «отпечатком пальца».



**Методы, основанные на полимеразной цепной реакции**  
**MLVA-типирование (мультилокусный анализ числа tandemных повторов по VNTR-локусам)** основано на идентификации рассеянных в хромосоме VNTR-локусов (участков, содержащих разное число tandemных повторов) при помощи ПЦР. Поскольку различные изоляты содержат неодинаковое число повторов в VNTR-локусах, информация об их количестве позволяет отнести тестируемые культуры бактерий к тому или иному штамму. Для повышения информативности и достоверности MLVA-анализа используют не один, а несколько (обычно 5–12) VNTR-локусов в зависимости от видовой принадлежности микроорганизма.



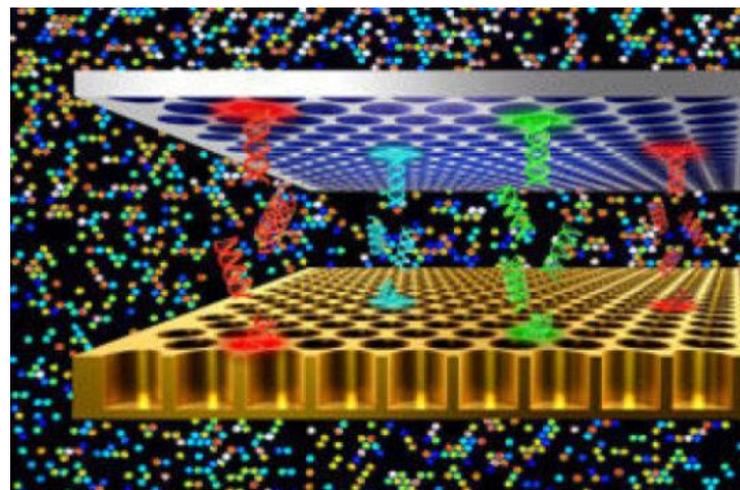
# Методы рестрикционного анализа и гибридизации нуклеиновых кислот

## Гибридизация НК по Саузерну

Для генотипирования в качестве зондов при гибридизации по Саузерну часто используют:

- меченые фрагменты IS-элементов;
- последовательности рибосомного оперона 16S–23S (метод риботипирования);
- другие последовательности (например, спейсеры DR-локуса *Mycobacterium tuberculosis complex*).

**Генетические чипы (ДНК-микрочипы)** позволяют с высочайшей степенью достоверности одновременно определять десятки или даже сотни однонуклеотидных полиморфизмов и других генетических маркеров.



## **Методы молекулярного типирования, основанные на секвенировании ДНК**

**Они являются наиболее точными и перспективными используются при определении первичной последовательности нуклеотидов (сиквенса) в одном вариабельном (однолокусное секвенирование) или нескольких (мультилокусное секвенирование, MLST) участках. При этом изоляты с одним и тем же сиквенсом (например, с одинаковым спектром мутаций) относят к одному штамму.**

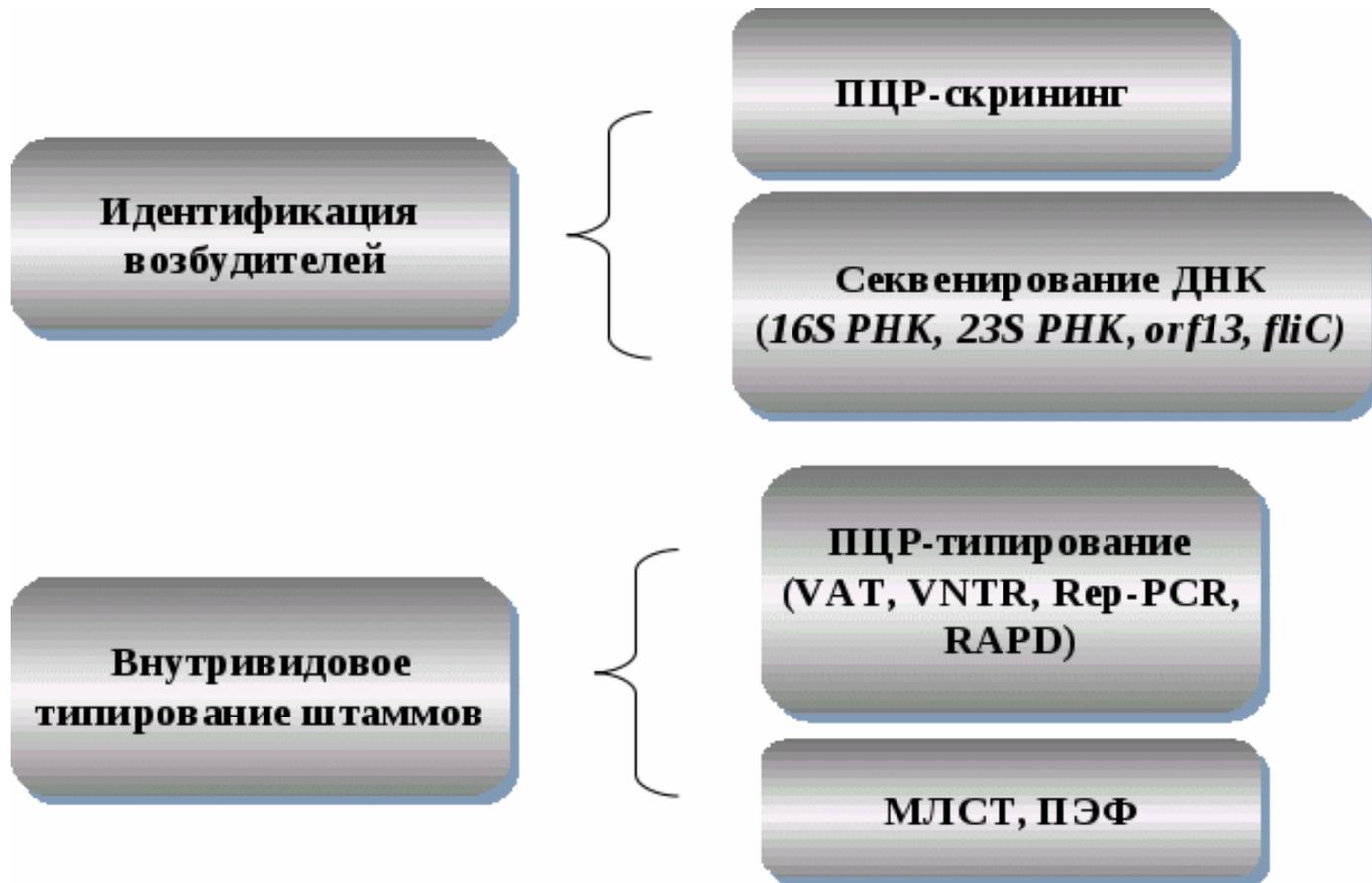
**Для большинства патогенов сейчас разработаны унифицированные методы однолокусного или многолокусного (MLST) секвенирования — типирования, результаты которых могут быть внедрены в международные компьютерные базы данных, доступные on line.**

## Конкретные примеры использования генотипирования

Дополнительные возможности определения прогноза течения папилломавирусной инфекции может дать генотипирование:

- выявление нескольких генотипов вируса ассоциировано с менее благоприятным прогнозом течения заболевания и более высоким риском персистенции;
- степень онкогенности различных генотипов высокого риска не одинакова, наибольшей онкогенностью обладают 16 и 18 типы ВПЧ;
- позволяет отличить реинфицирование от персистентной инфекции при повторном визите пациента. Опасность представляет именно хроническая персистентная форма инфекции, недавнее же инфицирование наиболее вероятно спонтанно излечивается. О реинфицировании говорит изменение спектра генотипов, о персистентной инфекции — сохранение генотипа вируса через год после первого тестирования, повторное инфицирование тем же генотипом вируса после самостоятельного излечения практически невозможно.

## Схема генотипирования патогенных буркхольдерий



## Геноидентификация личности в судебно-медицинской практике

Молекулярно-генетический идентификационный анализ, традиционно называемый **геномной (генетической) «дактилоскопией»** или **генотипированием** (DNA profiling, DNA fingerprinting, DNA typing), направлен на выявление индивидуальных особенностей генетической конституции конкретного человека. Этот подход не имеет аналогов среди использовавшихся ранее методов судебно-экспертной идентификации личности.

Геномная или генетическая дактилоскопия - технология установления личности, основанная на анализе клеточной ДНК - универсального носителя наследственной информации.

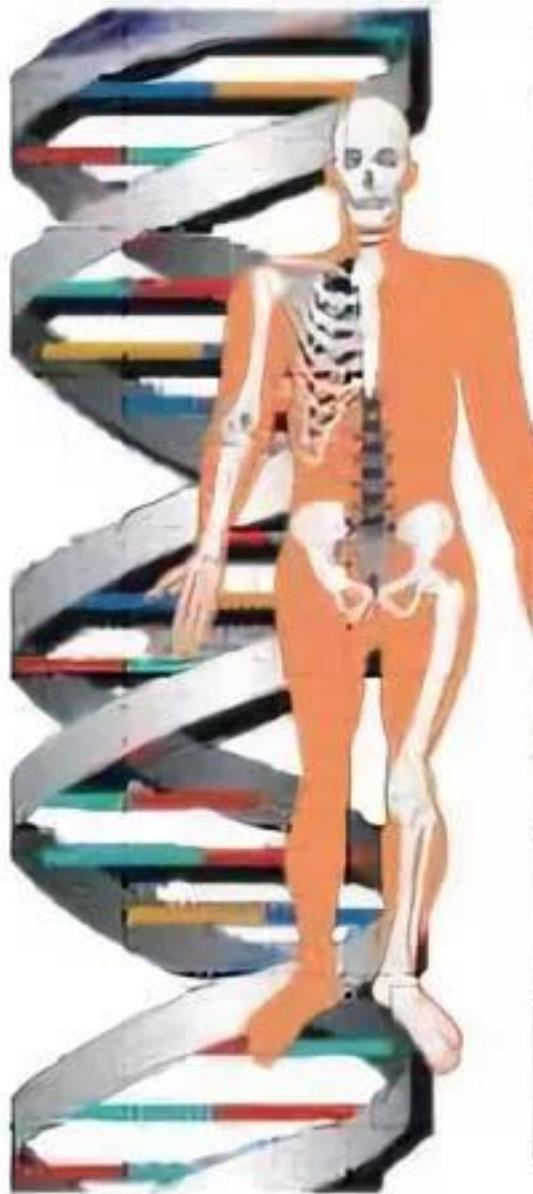
Каждый человек, как и любой живой организм, имеет свой характеристический фенотип (то есть набор внешних и внутренних признаков и свойств), отличающий его от других ему подобных организмов. Отличия обусловлены уникальностью любого индивидуального генотипа - всего набора генов данного организма. Генетический же материал, заключенный в разных клетках и тканях одного индивидуума, в норме одинаков.

**В основе молекулярно-генетического метода идентификации личности и установления кровного родства лежат следующие основополагающие принципы:**

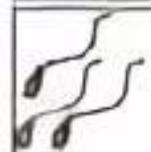
- 1) принцип индивидуальной генетической уникальности любого организма;**
- 2) принцип генетической идентичности абсолютно всех его клеток и тканей;**
- 3) принцип неизменности индивидуализирующих признаков в теле человека в течение всей его жизни.**

**К числу объектов генетического анализа относятся ткани и биологические жидкости.**

## Биологический материал для идентификации личности



**КРОВЬ**



**СЕМЯ**



**ТКАНЬ**



**ВОЛОСЫ**  
(корни)



**СЛЮНА**



**ЗУБЫ**



**КОСТИ**

**Основа анализа - выявление индивидуальных генетических различий или генетического сходства биологических объектов и, как следствие, установление их отличия или тождества либо их генетического родства.**

**На ранних этапах развития метода типирования ДНК или генетической идентификации конечный этап всей сложной многостадийной процедуры сводился к анализу специфических графических изображений, «отпечатков пальцев» наследственного материала человека. При этом основой для экспертного заключения чаще всего служило отображение индивидуальных характеристик ДНК в виде графического образа, а именно: специфического набора линий.**



**Типирование ДНК стало наиболее доказательным методом анализа биологического материала при производстве судебно-медицинской идентификационной экспертизы. Эти технологии прочно вошли в арсенал экспертной деятельности судебно-медицинских служб большинства развитых стран мира. Опыт внедрения молекулярно-генетических методов в практику работы правоохранительных органов убедительно свидетельствует о том, что эффективность расследования многих тяжких преступлений против личности может быть существенно повышена.**

Применительно к задачам судебно-медицинской экспертизы генетические методы особенно эффективны в двух случаях: идентификации личности и установления биологического родства. В первую очередь, речь идет об **идентификации личности** при расследовании убийств, тяжких телесных повреждений, изнасилований и других преступлений, требующих судебно-медицинского исследования вещественных доказательств, а также при опознании расчлененных или сильно разрушенных трупов, например, в случаях массовых природных и техногенных катастроф и военных конфликтов.

Геномная «дактилоскопия», в отличие от традиционной криминалистической дактилоскопии, позволяет не только однозначно устанавливать личность, но и **определять кровное родство лиц**. Это делает ее незаменимым экспертным методом в сложных случаях подмены, утери, похищения детей, определения родства малолетних или потерявших память лиц, выявления фактов кровосмешения.

Метод также весьма эффективно используется и в решении гражданских дел - **установлении отцовства или материнства**. Возможно даже пренатальное исследование, позволяющее устанавливать отцовство в процессе беременности, то есть до рождения ребенка.

**Молекулярно-генетические маркерные системы** основаны на существовании различий в структуре ДНК (генов) у разных индивидуумов.

Гомологичные гены, то есть те, что определяют формирование одного и того же признака, например, форму носа или цвет глаз, у разных людей могут находиться в разных аллельных состояниях. На молекулярном уровне аллельные варианты одного и того же гена отличаются небольшими изменениями в структуре их ДНК, в последовательности нуклеотидов в полинуклеотидной цепи. Возможны замена единичных нуклеотидов, так называемые точковые замены, или локальные перестройки, именуемые делециями и инсерциями - соответственно утрата либо добавление небольших участков цепи.

Столь незначительные различия в конечном итоге и определяют то, чем разные люди отличаются друг от друга: уникальное сочетание аллельных вариантов всех генов обеспечивает **биологическую индивидуальность** каждого человека.

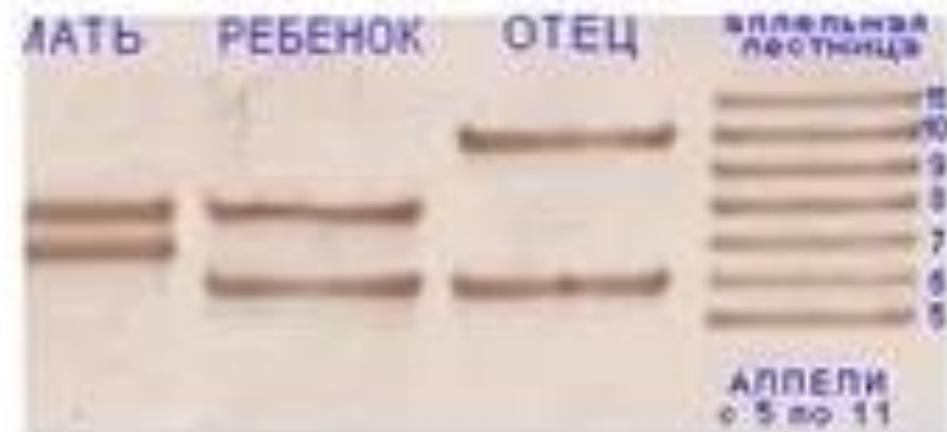
## **Базовые молекулярно-генетические технологии судебно-экспертной практики**

- **Анализ полиморфизма (вариабельности) длины рестрикционных фрагментов ДНК**
- **Анализ полиморфизма длины амплифицированных фрагментов ДНК**
- **Анализ полиморфизма нуклеотидных последовательностей (сайт-полиморфизма) ДНК**

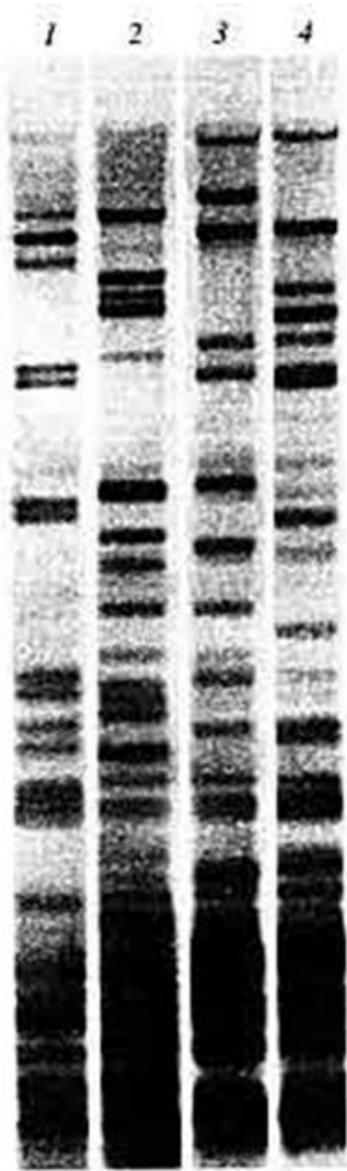
## Анализ полиморфизма длины рестрикционных фрагментов (ПДРФ) ДНК.

Большая часть вариаций в полинуклеотидной цепи геномной ДНК вызвана точечными нуклеотидными заменами, инверсиями, делециями и инсерциями. В результате в молекулах ДНК появляются новые или утрачиваются существовавшие ранее участки воздействия (сайты) особых ферментов - рестрикционных эндонуклеаз (рестриктаз), в которых они расщепляют полинуклеотидные цепи ДНК. Это, в свою очередь, обуславливает изменение длины получающихся рестрикционных фрагментов ДНК.

Интересующие фрагменты ДНК можно визуализировать путем молекулярной гибридизации с соответствующим зондом методом **блот-гибридизации**. С его помощью полиморфные участки генома обнаруживаются в виде имеющих разную длину гомологичных фрагментов ДНК, которые образуются после гидролиза геномной ДНК рестриктазами.



## Анализ полиморфизма длины рестрикционных фрагментов ДНК



Геномные «отпечатки» четырех неродственных индивидуумов, полученные с использованием зонда M13 в качестве гибридизационной пробы для анализа рестриктазного гидролизата суммарной геномной ДНК человека:

Для каждого индивидуума характерен свой, присущий только ему набор отличающихся по длине минисателлитных фрагментов, который при электрофоретическом анализе выявляется как индивидуально- специфичная нерегулярная «лестница» из поперечных полос, большая часть которых у не родственников не совпадает. У близких родственников число совпадений полос может быть существенно больше.

## Анализ полиморфизма длины амплифицированных фрагментов ДНК

**Метод энзиматической амплификации гипервариабельных генетических локусов** с помощью полимеразной цепной реакции (ПЦР) позволяет преодолеть все ограничения молекулярно-генетических методов исследования, которые были связаны с недостаточным для анализа количеством ДНК.

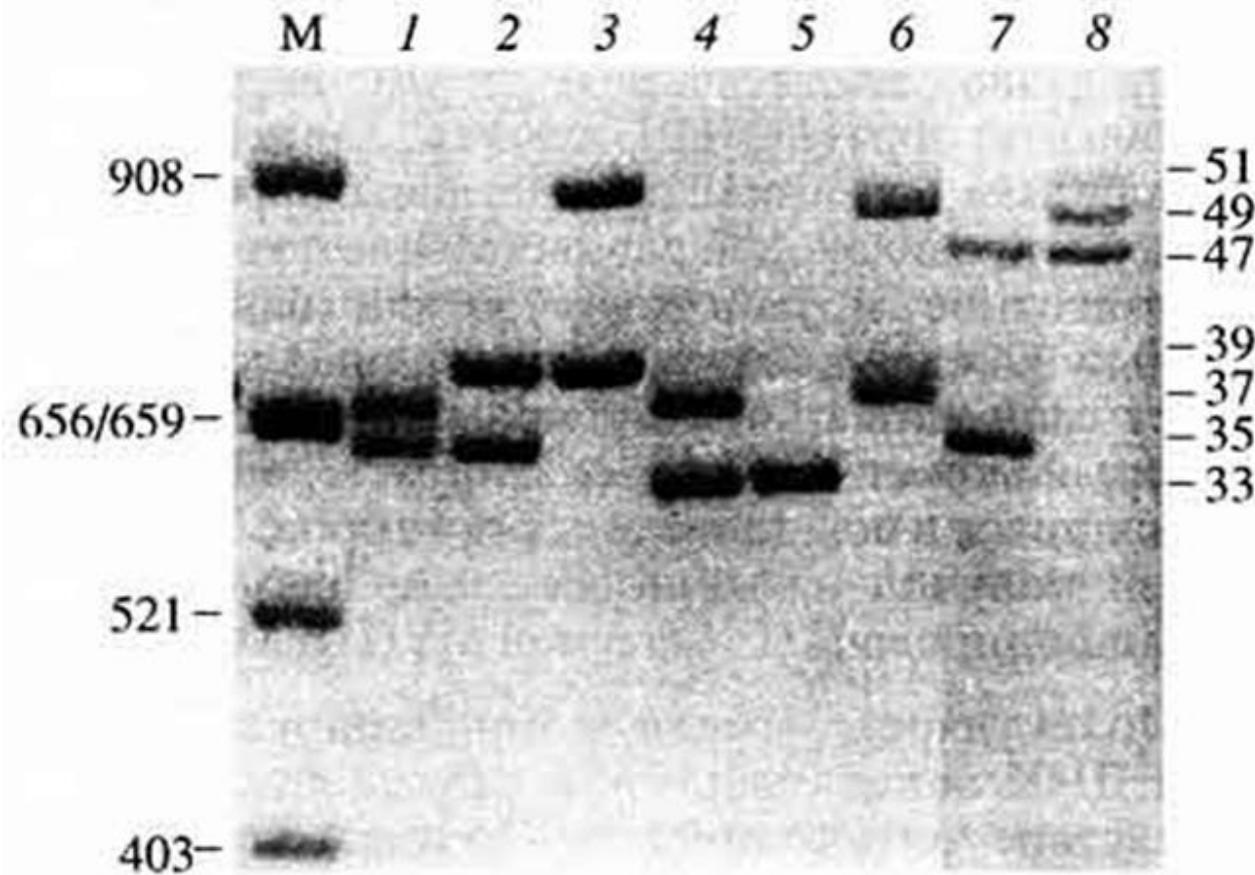
ПЦР дает возможность выделить и размножить любую необходимую для анализа последовательность ДНК в количестве, превышающем исходное в десятки и даже сотни миллионов раз. Такая высокая степень направленного обогащения теоретически позволяет работать с единичными молекулами ДНК, следовательно, открывается возможность молекулярно-генетического типирования даже в случае исчезающе малых количеств доступного для экспертизы биологического материала. Кроме того, ПЦР весьма эффективна при анализе сильно разрушенных ДНК, подвергшихся высокой степени деградации.

## Анализ полиморфизма длины амплифицированных фрагментов ДНК

Гипервариабельные локусы VNTR-типа содержат различное число повторяющихся элементарных звеньев. При амплификации с праймерами, расположенными по краям такого локуса, образуются фрагменты ДНК различной длины, причем длина фрагмента будет пропорциональна числу повторов.

Таким образом, в данной аналитической системе любой индивидуальный образец ДНК человека характеризуется наличием двух амплифицированных фрагментов разной или одинаковой длины (соответственно, гетерозиготное и гомозиготное состояние), поскольку каждая из двух гомологичных хромосом несет свой вариант гипервариабельного локуса, который может отличаться от других числом содержащихся в нем тандемных повторов. Этот феномен получил название **полиморфизма длины амплифицированных фрагментов (ПДАФ) ДНК**.

## Анализ полиморфизма длины амплифицированных фрагментов ДНК



Электрофореграмма  
(окрашивание  
серебром)  
амплифицированных  
фрагментов ДНК -  
аллелей  
хромосомного локуса  
ApoB-3'VNTR (2p24-  
p23) восьми  
неродственных  
индивидуумов.

## Анализ полиморфизма нуклеотидных последовательностей ДНК

Существенная часть вариаций в полинуклеотидных цепях геномной ДНК обусловлена точечными нуклеотидными заменами: очень многие локусы, в том числе и высокополиморфные, имеют варианты (аллели), которые на молекулярном уровне одинаковы по длине, но в той или иной степени различаются последовательностью нуклеотидов. Это так называемый **сайт-полиморфизм** (от англ. site - участок), который условно можно обозначить **ППАФ - полиморфизм последовательности амплифицированных фрагментов ДНК**. Понятно, что амплификация локусов ДНК, обладающих свойством сайт-полиморфизма, приведет к образованию неразличимых по длине фрагментов. Дифференцировать такие фрагменты с помощью обычных методов электрофореза невозможно, поэтому в индивидуализирующих системах ППАФ-типа используются иные принципы дифференциации аллельных вариантов. Наиболее радикальный путь - **секвенирование** амплифицированных фрагментов ДНК, то есть определение первичной структуры полинуклеотидной цепи. Теоретически это самый точный и доказательный метод анализа индивидуальных генетических вариаций, поскольку по своей сути секвенирование означает расшифровку генетического кода, который в принципе уникален для каждого организма.

**В настоящее время единственной молекулярно-генетической индивидуализирующей системой, основанной на секвенировании сайт-полиморфных амплифицированных фрагментов ДНК, являются полиморфные локусы митохондриальной ДНК (мтДНК). Митохондриальная ДНК человека представляет собой кольцевую молекулу, которая имеет размер 16 569 пар нуклеотидов.**

**Предполагается, что мтДНК эволюционировала из хромосомы свободноживущей бактерии, значительная часть генов исходной бактериальной хромосомы была утрачена или переместилась в ядро.**

**Сейчас мтДНК человека насчитывает всего 37 генов. Она характеризуется рядом уникальных биологических свойств: быстрым темпом мутирования и, как следствие, высоким уровнем изменчивости, большим числом копий в каждой клетке, материнским характером наследования и отсутствием рекомбинации. Эти свойства, ставшие причиной широкого использования мтДНК в популяционных и эволюционных исследованиях, делают ее высокоинформативным, а в некоторых случаях единственно применимым инструментом и в судебно-медицинской практике.**

Можно использовать мтДНК как генетический **маркер материнской линии наследования**, и особенно успешно при установлении родства в тех случаях, когда генетическая дистанция, разделяющая родственников, больше, чем одно поколение. Здесь аутосомные маркеры не дают доказательного результата, поскольку практически невозможно проанализировать очень большое количество вариантов их наследования в ряду поколений. Нуклеотидная же последовательность мтДНК идентична у всех родственников, связанных материнской линией родства (за исключением редких мутационных событий). По этой причине для установления принадлежности индивида к конкретной генетической линии, а следовательно, для его косвенной идентификации, можно использовать сравнительный анализ мтДНК любых родственников индивида по материнской линии (сестра, бабушка, дядя, племянник и т.д.).

Использование метода **генотипоскопии** может позволить решить многие проблемы, возникающие при раскрытии и расследовании преступлений. По данным лаборатории генотипоскопии Экспертно-криминалистического центра МВД России с его помощью возможно следующее:

1. Устанавливать происхождение крови, спермы и некоторых других объектов от конкретного лица.
2. Объединять преступления, если их совершило одно и то же лицо и оставило следы биологического происхождения, например сперму.
3. Определять, наступила ли беременность от лица, подозреваемого в совершении изнасилования.
4. Устанавливать конкретных участников событий в случаях обнаружения смешанных следов биологического происхождения (эксперт при необходимости может сказать, что данное конкретное пятно крови образовано кровью нескольких лиц и указать каких конкретно).
5. Определять, относятся ли части трупа, обнаруженные отчлененными, к одному или разным телам.
6. Устанавливать, могут ли конкретные мужчина и женщина быть родителями ребенка.

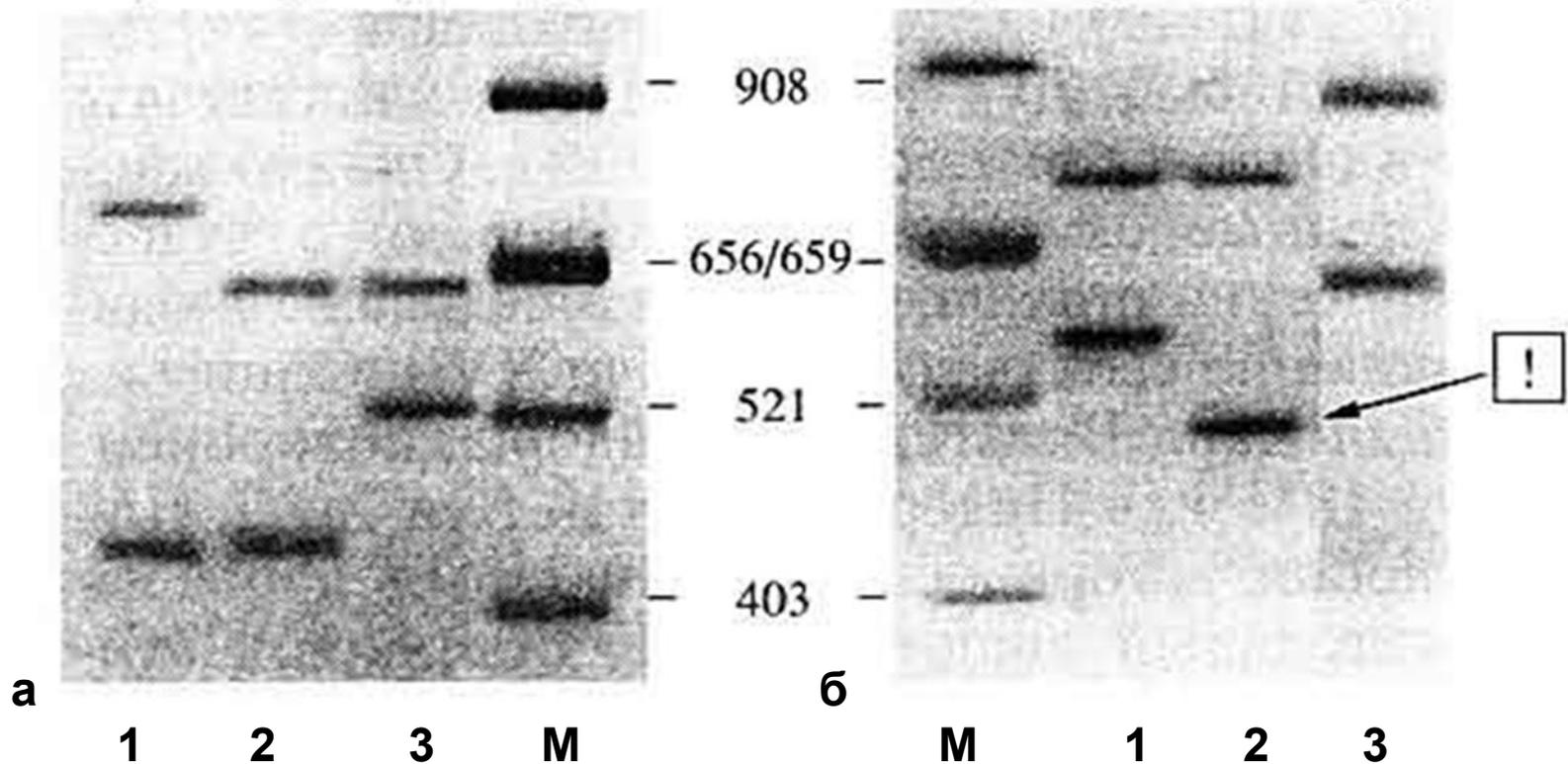
По результатам исследования **«отпечатков» ДНК** возможны следующие варианты выводов эксперта:

1. Происхождение исследованного объекта от конкретного лица исключается.
2. Установлена идентичность молекул ДНК в исследуемом объекте и образце, взятом от лица А. Следовательно, исследованный объект Х произошел от лица А.

При **установлении родителей ребенка** возможны несколько вариантов ответа:

1. Исключается происхождение ребенка от одного из предполагаемых родителей.
2. Исключается происхождение ребенка от обоих предполагаемых родителей.
3. Биологическими родителями ребенка являются конкретные мужчина и женщина.

## Установление родства



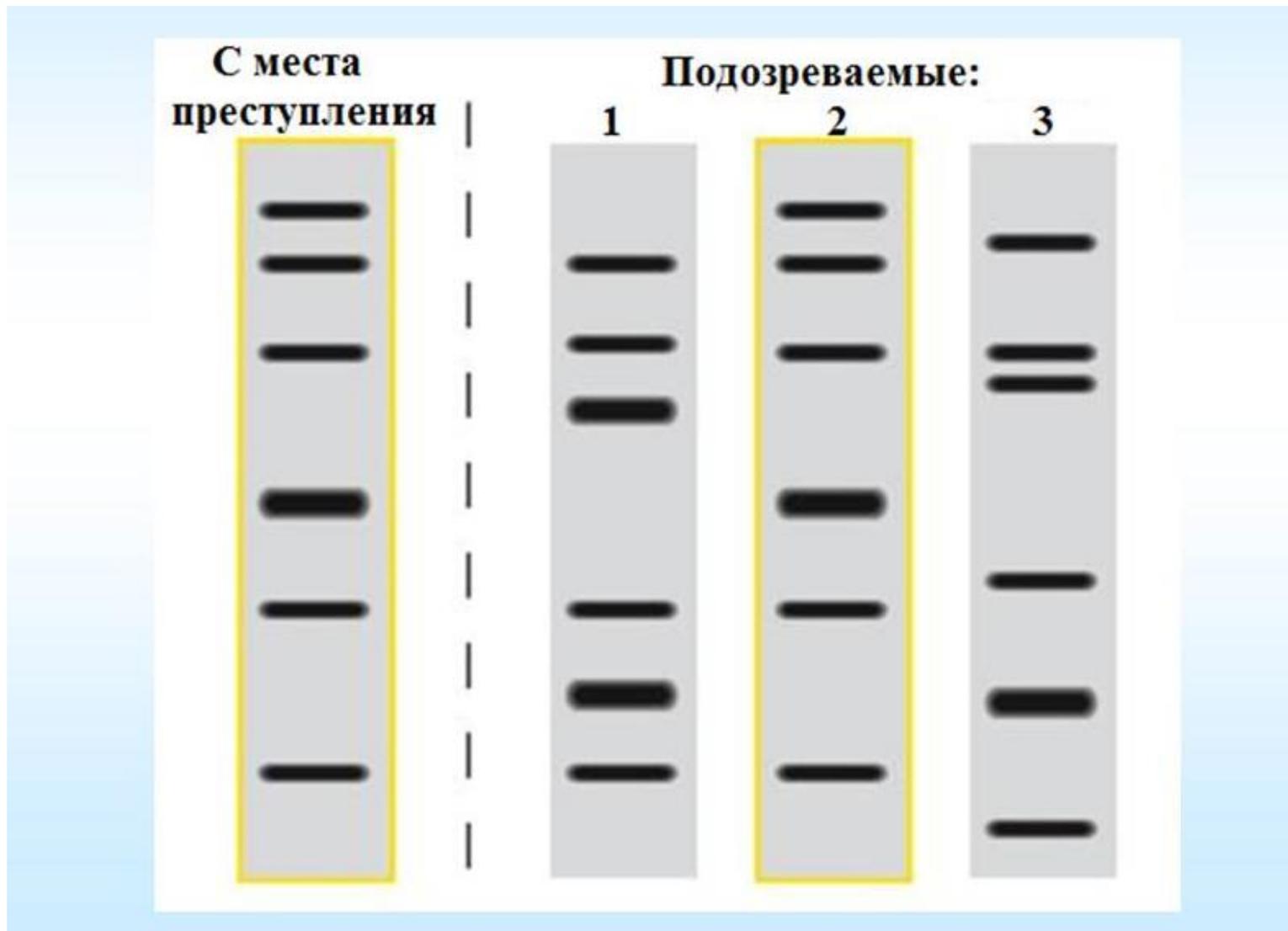
Электрофореграмма (окрашивание серебром) амплифицированных фрагментов ДНК - аллелей хромосомного VNTR-локуса DIS80 (1p36-p35) трех индивидуумов:

а - истинная семейная группа - мать, ребенок и отец (1, 2 и 3, соответственно);  
б - ложная семейная группа - мать, ребенок и лжеотец; стрелкой отмечен отцовский аллель ребенка, который отсутствует в ДНК неродственного мужчины; М - стандарт молекулярных масс *AluI*-гидролизат ДНК плазмиды рBR322, приведены размеры в парах нуклеотидов

**Молекулярно-генетический метод также применяется при установлении принадлежности крови, спермы одному и тому же лицу, частей трупа одному человеку.**

**Важно отметить, что основной проблемой при молекулярно-генетическом исследовании считается отсутствие в большинстве случаев образцов ДНК родственников умершего или пропавшего без вести, то есть отсутствие материала для проведения исследования. В данных случаях, генетическим методом можно установить только лишь расовую и половую принадлежность лица.**

## Судебно-медицинская экспертиза



**Благодарю за внимание!**