

УДК 343.982.342

СПОСОБЫ ПОЛУЧЕНИЯ ДНК ВЫСОКОГО КАЧЕСТВА С НЕПОРИСТОЙ ПОВЕРХНОСТИ ПОСЛЕ ВИЗУАЛИЗАЦИИ СЛЕДОВ ПАЛЬЦЕВ РУК: ОПЫТ США

© 2020 г.

А.Г. Холевчук

Кубанский государственный университет, Новороссийск
Новороссийский филиал Краснодарского университета Министерства внутренних дел России,
Новороссийск

aholevchuk@mail.ru

Поступила в редакцию 19.12.2019

Рассматривается зарубежный опыт, в основе которого лежат методы оптимизации процессов получения количественно-качественных характеристик ДНК при исследовании следов пальцев рук, полученных с непористой поверхности, для проведения экспертных идентификационных исследований. Обращается внимание на проблемы, возникающие в процессе получения ДНК при исследовании следов рук и последующей идентификации личности.

Ключевые слова: анализ; идентификация личности; дактилоскопия; экспертиза; ДНК.

«Контактная ДНК»¹ образовывается на месте преступления вследствие того, что кожа отторгает клетки, переносимые на различные объекты. Подозреваемые часто оставляют «контактную ДНК», согласно принципу обмена Локарда [1]. Образцы «контактной ДНК» – сложнополучаемый вид объектов, поскольку малое количество вещества выделяется из эпителиальных клеток. Необходимо учитывать, что в определенных ситуациях обнаруженные аллели могут не иметь доказательственного значения, в частности потому, что восстановленная ДНК может содержать информацию о другом лице, отличающемся от фактического донора отпечатка. Заархивированные скрытые отпечатки (снятые с помощью липкой ленты и сохраненные на бумажных картах) влекут проблемы, связанные с их хранением, поскольку эти образцы зачастую хранятся в течение длительного срока при комнатной температуре. Кроме того, они обрабатываются дактилоскопическими средствами и собираются экспертом без учета того, что в последующем их могут использовать для извлечения ДНК [1]. Поэтому в экспертной лаборатории и на месте преступления необходимо принимать комплексные меры безопасности для обеспечения наименьшей потери ДНК в процессе сбора и исследования соответствующих объектов.

В практике экспертных отделов США существует три группы методов, используемых для визуализации следов рук: химические, физические и инструментальные [1]. Последовательность получения биоматериала состоит из следующих этапов: визуализированный след фотографируется экспертом, затем берется его мазок для извлечения ДНК [2]. Несмотря на позитивные результаты, вещество, извлекаемое из от-

печатка, часто деградирует. Компоненты вещества по истечении определенного времени испаряются (улетучиваются), поэтому в некоторых юрисдикциях распространился способ сохранения отпечатка, основанный на перенесении отпечатка на липкую ленту и бумажную карточку для последующего анализа и хранения (архивирования отпечатков). До настоящего времени заархивированные отпечатки редко использовались с целью получения ДНК из-за низких показателей эффективности в работе с данными объектами.

Во время первого исследования, проведенного в Университете Содружества Виргинии (Virginia Commonwealth University), 30% образцов ДНК из отпечатков, находящихся в архиве (в экспериментах использовалось 90 образцов), способствовали получению частичного профиля STR. Один образец способствовал установлению полного генотипа STR-профиля [3]. Несмотря на результаты, свидетельствующие об ограниченном характере применения данных методов, в целом установлено, что имеется потенциал в проведении качественного анализа ДНК, полученной из архивных отпечатков.

Экспертами США используются традиционные методы сбора и анализа образцов ДНК. Оптимизация процесса установления последовательности анализа, обработки или добавления новых этапов к технологии сбора образцов (или методам их анализа) может повысить качество криминалистической информации, полученной в результате их исследования [3–7]. Существует множество способов увеличения количественно-качественных характеристик профилей STR, полученных из низкоуровневых образцов ДНК. Одним из таких подходов является способ увеличения числа циклов в программе запуска

ПЦР-амплификации, используемой для увеличения аллелей STR. В заключительном цикле генерируются дополнительные продукты ПЦР, и высота пика STR аллелей увеличивается [5, 8].

В предыдущих исследованиях отмечалось отсутствие различий в фактическом числе обнаруженных аллелей наряду с увеличением пикового дисбаланса и стохастических эффектов [5, 6]. Другие незначительные модификации, улучшающие процесс обнаружения STR и качество аллелей от низкоуровневых образцов ДНК, включают сокращение объема реакции ПЦР и увеличение времени капиллярной электрофорезной инъекции. Изучение литературы показывает, что такие модификации могут влечь проблемы, схожие с теми, что наблюдаются при увеличении количества циклов ПЦР [4, 9, 10]. Из-за этих осложнений многие исследователи включают дополнительные этапы в процесс анализа ДНК для устранения нежелательных результатов, получаемых при работе с низкоуровневыми образцами ДНК. Например, этап повторной очистки после амплификации, используемой для удаления примесей и увеличения степени концентрации продуктов ПЦР. Очистка может проводиться посредством связывания цепочек двуокиси кремния с фильтрацией по размеру или с помощью промежуточного ферментативного гидролиза [7].

По мнению экспертов, преимущественное применение инъекции для получения большего количества ампликонов ДНК снижает уровень воздействия синтезированных примесей [7, 11]. Два метода («QIAGEN MinElute PCR») способствуют проведению очистки: а) метод применения силикагелиевой мембраны с хроматографией; б) метод очистки с ультратонким фильтром Microcon-30kDa для центрифуг, основанный на технологии разделения частиц по размеру. Ранее методы повторной очистки упоминались в литературе [7, 11]. П.Дж. Смит (P.J. Smith) совместно с другими специалистами исследовали повторную очистку после амплификации продуктов STR, полученных из образцов крови и «контактной ДНК». Они сообщили об увеличении интенсивности аллелей STR относительно увеличения наблюдаемых артефактов в полученных с использованием электрофореграмм профилях STR [7]. Исследования П.Дж. Смита способствовали улучшению общего профиля STR в ситуации, когда процедуры повторной очистки после амплификации добавляли к процессу анализа ДНК [7]. Несмотря на наличие исследований о попытках выполнения анализа низкоуровневых образцов ДНК в лабораторных условиях, недостаточно примеров улучшения анализа «контактной ДНК», полученной на ме-

сте преступления и, в частности, из заархивированных (скрытых) отпечатков.

В североамериканской литературе недостаточно исследований, в которых рассматриваются вопросы относительно того, какой объем ДНК остается на поверхности после изъятия отпечатка для последующего помещения образцов в информационную базу данных [12]. Авторами отмечается, что, если остается мало «контактной ДНК» для получения профиля STR, это может свидетельствовать о необходимости выбора иного способа получения отпечатков. В частности, может быть эффективен способ сохранения поверхностного мазка (после снятия липкой ленты) для ДНК-тестирования. Если ДНК пригодна для исследования, возможно исключить необходимость разрушения образца с гребнями папиллярных линий отпечатков для проведения ДНК-анализа.

Анализируемое нами исследование было направлено на изучение возможности получения обнаруживаемых ДНК и STR-профилей из мазков, взятых с непористого типа поверхности после получения отпечатков с помощью липкой ленты [12]. В исследовании образцы мазков исследовались посредством традиционного метода анализа ДНК и включения дополнительного этапа обработки в виде повторной очистки после амплификации. Исследователи стремились определить оптимальные способы получения мазков на месте преступления, способствующие извлечению оставшейся части «контактной ДНК».

В экспериментальных целях для получения образцов привлечены 15 добровольцев. Все образцы собирались в соответствии с инструкциями Экспертного совета Университета Содружества Виргинии (США). В процессе сбора участники носили стандартные средства индивидуальной защиты. Два буккальных мазка брались у каждого участника в качестве контрольных образцов ДНК. Всех добровольцев просили запомнить случаи контакта их кожи с кожей других лиц и воздержаться от мытья рук в течение 6 часов до изъятия отпечатков. Непористое (стеклянное) основание очищали 20% отбеливателем, затем 70% этанолом до фиксации отпечатков. Каждый участник одновременно наносил на стеклянную подложку (следовоспринимающую поверхность) по восемь отпечатков, последовательно прижимая пальцы со средней степенью давления в течение 5 секунд. Этот процесс повторяли на протяжении 6 дней для получения необходимого количества образцов.

Два набора отпечатков от каждого участника оставили необработанными, другие два – визуализировались посредством магнитного дактилоскопического порошка (компания Evident,

Union Hall, штат Виргиния, США) в сочетании с магнитным аппликатором (компания Evident, США). Последние два набора визуализировались черным порошком (компания Evident, США) с помощью дактилоскопической кисти (компания Lynn Peavey, город Ленекса, штат Канзас, США)².

После визуализации прозрачная лента (1-дюймовая) (компания Evident, США) использовалась для получения отпечатков и помещения их на белую архивную карточку размером 3"×5" (компания Evident, США) для создания «сэндвича» из отпечатков «контактной ДНК» (архив скрытых отпечатков). Заархивированные образцы латентных отпечатков хранились при комнатной температуре для последующего использования. После того как с каждого набора с помощью ленты были получены отпечатки, с поверхности стекла брался мазок с использованием одного из двух способов: 1) однократный мазок ($n = 45$); 2) двойной мазок ($n = 45$).

В технологии однократного мазка используется стерилизованный ватный тампон, смоченный 150 мкл деионизированной воды перед получением образцов с поверхности, на которой отобразился отпечаток. Используя метод двойного мазка, поступали аналогичным образом, но с введением этапа протирания стеклянной поверхности сухим стерильным ватным тампоном после использования мокрого. Затем тампоны с образцами помещали в вентилируемые ящики для хранения мазков и оставляли сохнуть в течение часа при комнатной температуре, далее перемещали в другое место хранения с температурными условиями 4°C до начала следующей обработки. Два тампона, используемых в методе двойного мазка, хранились вместе, их объединяли для последующей обработки.

Извлечение ДНК. Все эталонные образцы, полученные с помощью наборов «QIAamp DNA Blood Mini Kit» (город Валенсия, штат Калифорния, США) и «QIAgen QIAcube», использовались в соответствии с протоколом производителя «Выделение полной ДНК из поверхностных и буккальных мазков» [13]. Тампоны с поверхностными мазками обрабатывались вручную с помощью набора «QIAamp DNA Researchigator Kit» (город Валенсия, штат Калифорния, США). С некоторыми исключениями соблюдался стандартный протокол производителя «Выделение полной ДНК из поверхностных и буккальных мазков» [14]. Необязательное использование 1 мкл РНК-носителя для образца включали дополнительно к лизису, проводившемуся на вибрационной платформе в ночное время при температуре 56°C. Образцы отпечатков, собранные методом двойных мазков, тре-

бовали двойного объема лизиса с использованием препарата «Buffer ATL» и протеиназы К, в которые погружались ватные тампоны с мазками, полученными с одной поверхности после снятия отпечатков с помощью ленты. Кроме того, все образцы элюировали в 100 мкл буфера (Buffer ATE).

Количественная оценка ДНК. Набор «QIAGEN Investigator Quantiplex Kit» (город Валенсия, штат Калифорния, США) использовался для количественной оценки всех экстрактов ДНК с применением системы идентификации «ABI PRISM 7500 Sequence Detection» и программного обеспечения SDS v1.4.0 (компания Life Technologies, город Карлсбад, штат Калифорния, США). За исключением отдельных случаев использования половинных объемов реакций, протокол изготовителя соблюдался [15]. Каждый образец оценивался с помощью внутреннего положительного контроля (IPC).

Образцы с количеством циклов амплификации IPC, превышавшим 31 ± 2 цикла, запрещались к использованию. Общий выход ДНК в нанogramмах (нг) рассчитывали путем умножения имеющейся концентрации (нг/мкл) на общий объем экстракта (мкл), сравнивая результаты ДНК из экспериментальных групп. В определенных случаях проводили дисперсионный анализ (ANOVA), используя односторонний или двухсторонний статистический тест. Далее с помощью HSD-теста Туки «Tukey's Honest Significant Difference» и программного обеспечения R Studio v3.2.5 (на основе языка программирования R) изучались существенные отличия.

Концентрация ДНК. Экстракты ДНК, обеспечившие общий выход ДНК менее 1 нг, подвергались вакуумной концентрации с помощью центрифуги «Thermo Scientific Savant DNA 120 SpeedVac Concentrator» (город Карлсбад, штат Калифорния, США). Экстракты ДНК переносили в 0.2 мл ПЦР-пробирки перед началом вакуумного центрифугирования. Концентратор «Savant DNA 120 SpeedVac» достигал высокой скорости вращения (приблизительно за 30 секунд) до применения вакуума. Каждый образец удаляли при достижении объема 5...8 мкл.

Амплификация STR. Амплификация локусов STR проводилась с помощью набора «Applied Biosystems AmpFISTR Identifier Plus PCR Amplification Kit» (город Фостер Сити, штат Калифорния, США) и системы «GeneAmp 9600 PCR System» компании PerkinElmer (город Уолтем, штат Массачусетс, США). Целевое количество вводимого объема ДНК составляло 1 нг. Необходимо учитывать, что весь ДНК-экстракт расходовался, если имелось менее 1 нг. В соответствии с протоколом производителя для ис-

ключения присутствия минус А в профилях ДНК использовались две модификации: половинная реакция и заключительная стадия аденилирования, увеличивающаяся до 45 минут [16].

Параметры запуска STR-амплификации были следующими:

1. Инкубация при 95 °С в течение 11 минут;
2. 28 циклов денатурации ДНК с нормализацией при 94°С в течение 20 секунд и при 59°С в течение 3 минут.

Затем проводили заключительную стадию аденилирования при температуре 60°С в течение 45 минут с последующим выполнением этапа выдерживания при температуре 4°С. Образцы хранили при –20°С до начала проведения анализов методом капиллярного электрофореза (СЕ).

Повторная очистка после ампликации мазков, взятых с поверхности, на которой были отображены отпечатки. Несмотря на то, что все образцы поступали сразу на анализ с помощью капиллярного электрофореза (подробнее описано ниже), часть ампликонного продукта из выбранного набора образцов мазков, взятых с поверхности после лифтинга (после получения отпечатков с помощью липкой ленты), также подвергалась повторной очистке после ампликации. На основе общего анализа ДНК в исследовательских целях выбраны поверхностные мазки после лифтинга из 10 наборов отпечатков, обработанных магнитным порошком, и 10 необработанных, собранных с использованием метода двойного мазка.

Для этих образцов половину ампликонов, оставшихся после первоначального анализа, с помощью капиллярного электрофореза концентрировали с помощью набора «QIAGEN MinElute PCR Purification Kit» (город Валенсия, штат Калифорния, США) ($n = 10$), а оставшаяся половина концентрировалась с помощью центробежного фильтра «Millipore Microcon-30kDa Centrifugal Filter Units» (город Биллирика, штат Массачусетс, США) ($n = 10$). В соответствии с рекомендованным протоколом ПЦР-очистки с использованием микроцентрифуги «MinElute PCR Purification Kit Protocol using a microcentrifuge» проведена одна модификация: концентрированные ДНК-ампликоны элюированы с помощью сильно деионизированного формамида «Hi-Di Formamide» (компания Life Technologies, США) [17].

Концентраторы «Microcon-30kDa» собирали и предварительно насыщали 100 мкл буферного раствора «TE buffer» (1M Tris-HCl; 0,5M EDTA, ddH₂O) перед добавлением каждого образца. Первое вращение выполнялось в течение 8 минут при 14000g. Фильтрат отбрасывали, затем добавляли 200 мкл буферного раствора «TE

buffer». Второе вращение выполнялось при 12000g в аналогичный временной период. Наконец, концентраторы были преобразованы в новые сборки трубок «Microcon» для элюирования образцов в течение 3 минут со скоростью вращения, соответствующей 1000g; образцы элюировали в сильно деионизированном формамиде «Hi-Di Formamide» (компания Life Technologies, США).

Сепарация и обнаружение ДНК. Все ампликоны STR разделяли и детектировали с помощью капиллярного электрофореза (далее – КЭ) на генетическом анализаторе «ABI PRISM 3130 Genetic Analyzer» (компания Life Technologies, США) с применением капиллярной решетки 36 см и стандартных параметров STR-анализа. Время впрыска для контрольных сравнительных образцов и образцов мазков отпечатков, полученных с поверхности после лифтинга, составляло 10 и 15 секунд соответственно.

Образцы готовили для анализа КЭ путем комбинирования 3 мкл каждого образца ампликонов ДНК, 1,5 мкл каждого образца из группы КО или 1 мкл аллельных петель с 10,5 мкл сильно деионизированного формамида «Hi-Di Formamide» (компания Life Technologies, США) и 0,1 мкл стандарта размеров «GeneScan 500 LIZ Size Standard» (компания Life Technologies, США). Анализ данных проводился с помощью программного обеспечения Life Technologies GeneMapper ID v4.1 (город Карлсбад, штат Калифорния, США) и применением аналитического порога, равного в относительных единицах флуоресценции 75 RFU (Relative Fluorescent Units). Для установления количества обнаруженных аллелей STR, а также общего качества каждого STR-профиля произведена количественно-качественная оценка. Соответствие профилей подтверждалось сравнением экспериментальных профилей (с повторной очисткой и без неё) между собой и результатами исследования эталонных образцов. Биологические и инструментальные искажающие эффекты, наблюдающиеся в данных КЭ, проанализированы и зафиксированы.

Оценка ДНК, оставленной на непористой поверхности, после лифтинга отпечатка. На предварительном этапе исследования отмечается, что при извлечении заархивированного отпечатка только половина или менее всей доступной ДНК обнаружена на клейкой стороне «сэндвича» отпечатка. Это означает, что клейкая лента не переносит весь объём ДНК [3]. Необходимо учитывать, что при использовании ленты на поверхности непористого типа до половины ДНК может оставаться на ней. В анализируемом нами исследовании авторы ставили

Таблица

Статистика обнаружения ДНК в мазках, полученных с поверхности после лифтинга	
Метод взятия мазка (<i>n</i> =45)	Обнаружение ДНК (%)
Одиночный мазок	64
Двойной мазок	51

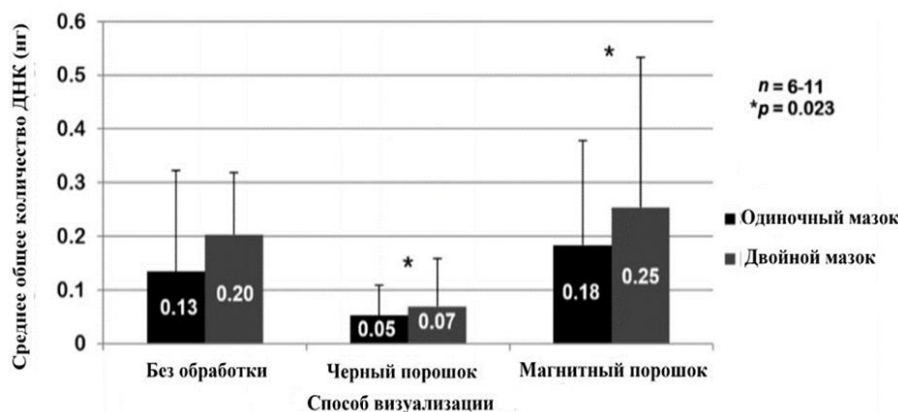


Рис. Извлечение ДНК из поверхностных мазков, взятых после выполнения обработки скрытых отпечатков для визуализации и после проведения лифтинга с использованием одного из двух методов сбора ДНК. Независимо от способа обработки поверхностей, к которым применялся метод двойного мазка, последний давал больше ДНК, чем при сборе образцов методом одиночного ($p = 0.822$). Образцы, собранные после обработки поверхности магнитным порошком, дали в среднем больше ДНК, чем обработанные черным порошком, независимо от того, использовался ли метод двойного или одиночного мазков ($p = 0.023$)

цель определить, действительно ли полученный объём ДНК остается на поверхности после изъятия отпечатка и возможно ли установить степень его пригодности для проведения экспертных идентификационных исследований. Исследователи определили оптимальные способы получения мазков с поверхности после снятия отпечатков [12].

В настоящее время в практике подразделений США на местах преступлений чаще используются тампоны для отбора биологического материала с непористой поверхности. Однако об экспертном консенсусе в выборе оптимального способа получения мазков или способа предварительного смачивания разжижающими растворами до сих пор не сообщалось [1; 18–22].

В работе анализировались два метода получения образцов: метод однократного и двойного мазков. 64% поверхностей непористого типа, с которых брался мазок одним смоченным тампоном после визуализации скрытых отпечатков, их лифтинга с помощью ленты, давали количественно измеримую ДНК, относительно 51% поверхностей, для которых применялся метод двойного мазка (таблица, $p = 0.278$). Интересно, что ни один образец (независимо от способа обработки) не способствовал обнаружению признаков ингибирования: все результаты внутреннего положительного контроля (IPC) оказались в прогнозируемом диапазоне. Несмотря на

то что метод однократного мазка в большей степени создавал наблюдаемые уровни ДНК, при обнаружении образцов следовоспринимающие поверхности исследовались методом двойного мазка (независимо от способа визуализации) и в среднем давали больший объём ДНК, чем обработанные одним тампоном (рисунок, $p = 0.822$). При использовании метода двойного мазка поверхностные мазки давали в среднем 0.07...0.25 нг ДНК (по всем группам обработки). Другой метод давал только 0.05...0.18 нг, что согласуется с результатами, когда методы получения образцов оценивались при их использовании с извлеченными заархивированными скрытыми отпечатками и с результатами исследований, проведенных в 2007 году [20].

Отмечается, что больше ДНК получено из образцов, взятых с поверхности, обработанной магнитным порошком, в соотношении с использованием черного порошка и необработанными поверхностями, независимо от способа получения мазков (рис.). Это различие оказалось значительным по сравнению с мазками, полученными с поверхностей, обработанных черным порошком углерода ($p = 0.023$). Углеродная сажа является общим компонентом дактилоскопических порошков, используемым для визуализации и естественной адсорбции жидких или маслянистых веществ. Сажа является компонентом, присутствующим в обоих порошках. В

случае с непористым субстратом, на котором находились отпечатки, определено, что магнитный порошок имеет более высокое сходство с влажными и сальными выделениями потовых желез [23]. Неудивительно, что образцы или поверхности, обработанные с помощью этого способа и впоследствии отобранные для получения ДНК, дают больше материала по сравнению с необработанными поверхностями или обработанными черным порошком. Кроме того, металлические частицы в порошке образуются магнитной кистью при применении магнитного аппликатора.

Все поверхностные мазки после их сбора подвергались мультиплексной STR-амплификации с целью получения STR-профиля для проведения идентификации, независимо от объема или концентрации ДНК. К сожалению, авторами не обнаружено ни одного аллеля STR выше ранее установленного аналитического порога (75 RFU, данные не приведены). Используемые коммерческие наборы для мультиплексной STR-амплификации рекомендуют выполнять введение по 0.5...1.25 нг от образца ДНК. Учитывая, что многие использованные образцы обеспечивали менее 200 пикограмм ДНК, неудивительно, что у них получены нулевые профили. Тем не менее данные свидетельствуют о необходимости получения соответствующего биоматериала из отпечатка, его визуализации и лифтинга (с непористой поверхности), поскольку в большинстве образцов обнаружены количественно измеримые уровни ДНК.

Некоторые значения количественной оценки оказались достаточно высокими для получения STR-профилей, кроме того, есть данные, что в таком случае ДНК из биоматериала отпечатков, обработанных химическими средствами, имеет низкое качество [19, 24, 25]. По предположению исследователей, существует совокупность факторов, приводящая к отрицательному результату амплификации STR. Тем не менее исследование предоставляет доказательства того, что при использовании клейкой ленты не переносится весь пригодный для исследования биоматериал. Более того, зачастую остается много материала после лифтинга отпечатка, поэтому необходимо обеспечить измеримые уровни для обнаружения ДНК, что в настоящее время не выполняется экспертными подразделениями США. Необходимо учитывать, что использование названных способов может не обеспечить необходимый для получения конкретного профиля STR объем ДНК.

Настоящее исследование показывает, что ДНК, полученная из мазка даже одной дополнительной области отпечатка после лифтинга (в общей сложности двух), скорее всего, будет

способствовать получению качественной ДНК для формирования по крайней мере частичного STR-профиля подозреваемого.

Повторная очистка мазков после амплификации, взятых с поверхности, на которой отображены отпечатки. К сожалению, никакого улучшения в обнаружении аллелей STR не наблюдалось вследствие проведения повторной очистки после амплификации. Не выявлено ни одной STR-аллели в материале, полученном с поверхности после лифтинга тампонами, оставшиеся STR-ампликоны которых подверглись повторной очистке после амплификации с помощью либо набора «QIAGEN MinElute PCR Purification Kit», либо центробежных фильтров «Millipore Microcon-30kDa Centrifugal Filter Units» (данные не приведены). По крайней мере для одного образца наблюдалось увеличение различных пиков ниже аналитического порога. Эти пики соответствовали размерам ожидаемых STR-аллелей в исследуемом образце. В целом, несмотря на то что измеримая ДНК была обнаружена, значения количественной оценки, полученные из поверхностных мазков (взятых после снятия отпечатков), представляются слишком низкими для последующего обнаружения STR-аллелей, даже с усовершенствованием процедур, проводимых после амплификации. Поэтому необходимо установить другие постамплификационные изменения (подобные тем, что упомянуты ранее) и модификацию преамплификационных стадий. Иными словами, рассмотреть возможность использования альтернативных способов концентрации ДНК до начала STR-амплификации в целях улучшения профилей STR, полученных при исследовании архивных отпечатков.

Исследование показало, что адгезивные вещества (используемые часто в качестве средств сбора материала) могут быть неэффективны в процессе получения всего биоматериала или большей его части. Несмотря на то, что большая часть визуализированной области отпечатка извлекается при снятии липкой лентой, обычно имеется достаточно порошка, чтобы обозначить местоположение отпечатка на исходной поверхности. Данное обстоятельство свидетельствует, что пригодные для исследования биоматериалы могут быть оставлены на поверхности после снятия отпечатков. Для исследователей было важно оценить качество и количество «контактной ДНК», остающейся на месте преступления. Процедура получения «контактной ДНК» в настоящее время часто игнорируется и не используется в работе экспертами США [3].

К сожалению, полученная из поверхностных мазков ДНК, собранных после обработки мето-

дами визуализации и снятия отдельных отпечатков с помощью липкой ленты, не способствовала получению STR-профиля, однако измеримая высококачественная ДНК получена из большинства образцов. По мнению американских исследователей, можно рекомендовать экспертам включать в работу способ получения поверхностных мазков, собранных после лифтинга, к стандартным процедурам визуализации и сбора следов пальцев рук. Выполнение этих рекомендаций, вероятно, даст дополнительный и ценный источник получения доказательственной информации. Двумя рассмотренными выше способами возможно существенно улучшить качество STR-профиля, сделав его надежным средством для идентификации личности.

В целях оптимизации процесса сбора ДНК авторами предлагается несколько вариантов действий: а) использовать поверхностный мазок в сочетании с другими образцами, взятыми от одного источника происхождения (мазки других отдельных отпечатков или заархивированные образцы отпечатков); б) использовать поверхностный мазок с применением модифицированного способа анализа ДНК низкоуровневых образцов, дающих нулевой или не имеющий значения профиль STR.

Примечания

1. Под «контактной ДНК» в дактилоскопии США понимается судебно-экспертный метод анализа ДНК, способствующий идентификации личности на основе исследования относительно малого объема исследуемого биоматериала (к примеру, клеток кожи).

2. В ранее проведенных исследованиях загрязнение типа «переноса» не обнаружены при повторном применении используемых порошков или кистей. См.: Solomon A.D., Hytinen M., McClain A.M., Miller M.T., Cruz T.D. Optimized Methods for Collection and Extraction of DNA from Archived Latent Fingerprints // In: Proceeding of 68th Annual Scientific Meeting of the American Academy of Forensic Sciences. Las Vegas, NV, 2016. Abstract B108.

Список литературы

1. Lee H.C., Palmbach T., Miller M.T. Henry Lee's Crime Scene Handbook, 1st ed. San Diego, CA: Elsevier Academic Press, 2001. P. 135–141.

2. Schulz M.M., Reichert W. Archived or Directly Swabbed Latent Fingerprints as a DNA Source for STR Typing // Forensic Science International. 2002. Vol. 127. Iss. 1–2. P. 128–130.

3. Solomon A.D., Hytinen M., McClain A.M., Miller M.T., Cruz T.D. Optimized Methods for Collection and Extraction of DNA from Archived Latent Fingerprints // In: Proceeding of 68th Annual Scientific Meeting of the American Academy of Forensic Sciences. Las Vegas, NV, 2016. Abstract B108.

4. Budowle B., Eisenberg A.J., Van Daal A. Validity of Low Copy Number Typing and Applications to Forensic Science // Croatian Medical Journal. 2009. Vol. 50. Iss. 3. P. 207–217.

5. Gill P., Whitaker J., Flaxman C., Brown N., Buckleton J. An Investigation of the Rigor of Interpretation Rules for STRs Derived from less than 100 pg of DNA // Forensic Science International. 2000. Vol. 112. Iss. 1. P. 17–40.

6. Kloosterman A.D., Kersbergen P. Efficacy and Limits of Genotyping Low Copy Number (LCN) DNA Samples by Multiplex PCR of STR Loci // International Congress Series. 2003. Vol. 1239. P. 795–798.

7. Smith P.J., Ballantyne J. Simplified Low-Copy-Number DNA Analysis by Post-PCR Purification // Journal of Forensic Science. 2007. Vol. 52. Iss. 4. P. 820–829.

8. Whitaker J.P., Cotton E.A., Gill P. A Comparison of the Characteristics of Profiles Produced with the AMPF ℓ STR SGM plus Multiplex System for Both Standard and Low Copy Number (LCN) STR DNA Analysis // Forensic Science International. 2001. Vol. 123. Iss. 2–3. P. 215–223.

9. Leclair B., Sgueglia J.B., Wojtowicz P.C., Juston A.C., Frégeau C.J.; Fournay R.M. STR DNA Typing: Increased Sensitivity and Efficient Sample Consumption Using Reduced PCR Reaction Volumes // Journal of Forensic Science. 2003. Vol. 48. Iss. 5. P. 1001–1013.

10. Westen A.A., Nagel J.H.A., Benschop C.C.G., Weiler N.E.C., De Jong B. J., Sijen T. Higher Capillary Electrophoresis Injection Settings as an Efficient Approach to Increase the Sensitivity of STR Typing // Journal of Forensic Science. 2009. Vol. 54. Iss. 3. P. 591–598.

11. Forster L., Thomson J., Kutranov S. Direct Comparison of Post-28-Cycle PCR Purification and Modified Capillary Electrophoresis Methods with the 34-Cycle «Low Copy Number» (LCN) Method for Analysis of Trace Forensic DNA Samples // Forensic Science International. Genetics. 2008. Vol. 2. Iss. 4. P. 318–328.

12. Hytinen M.E., Solomon A.D., Miller M.T., Cruz T.D. Methods for Obtaining High-Quality Touch DNA from a Nonporous Surface after Latent Fingerprint Collection // Journal of Forensic Identification. 2017. Vol. 67. Iss. 1. P. 71–84.

13. QIAGEN. QIAamp DNA Mini and Blood Mini Handbook. 4thed. QIAGEN: Valencia, CA, 2015.

14. QIAGEN. QIAamp DNA Investigator Handbook. Number 1072908. QIAGEN: Valencia, CA, 2012.

15. QIAGEN. Investigator Quantiplex Handbook. QIAGEN: Valencia, CA, 2014.

16. Life Technologies. AmpF ℓ STR Identif iler Plus PCR Amplification Kit User Guide, publication number 4440211, revision F. Thermo Fisher Scientific: Carlsbad, CA, 2015. URL: http://tools.thermofisher.com/content/sfs/manuals/cms_076395.pdf (дата обращения: 23.12.2019).

17. QIAGEN. MinElute Handbook. QIAGEN: Valencia, CA, 2008.

18. Adamowicz M.S., Stasulli D.M., Sobestanovich E.M., Bille T.W. Evaluation of Methods to Improve the Extraction and Recovery of DNA from Cotton Swabs for Forensic Analysis // PLoS One. 2014. Vol. 9. Iss. 12. URL: <http://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0116351> (дата обращения: 23.12.2019).

19. Ostojic L., Klempner S.A., Patel R.A., Mitchell A.A., Axler-DiPerte G.L., Wurmbach E. Qualitative and Quantitative Assessment of Single Fingerprints in Forensic DNA Analysis // *Electrophoresis*. 2014. Vol. 35. Iss. 21–22. P. 3165–3172.
20. Pang B.C.M., Cheung B.K.K. Double Swab Technique for Collecting Touched Evidence // *Legal Medicine*. 2007. Vol. 9. Iss. 4. P. 181–184.
21. Thomasma S.M., Foran D.R. The Influence of Swabbing Solutions on DNA Recovery from Touch Samples // *Journal of Forensic Science*. 2013. Vol. 58. Iss. 2. P. 465–469.
22. Van Oorschot R.A.H., Phelan D.G., Furlong S., Scarfo G.M., Holding N.L., Cummins M.J. Are You Collecting All the Available DNA from Touched Objects? // *International Congress Series*. 2003. Vol. 1239. P. 803–807.
23. Saferstein R. *Criminalistics: An Introduction to Forensic Science*, 6th ed. Prentice-Hall: Upper Saddle River, NJ, 1998. P. 450.
24. Steadman S.A., Hooper S.R., Geering S.C., King S., Bennett M.A. Recovery of DNA from Latent Fingerprint Tape Lifts Against Matte Acetate // *Journal of Forensic Science*. 2015. Vol. 60. Iss. 3. P. 777–782.
25. Thammurak C., Bunakharasawat W., Riengrojpitak S., Panvisavas N. DNA Typing from Fluorescent Powder Dusted Latent Fingerprints // *Forensic Science International: genetics*. 2011. Vol. 3. Iss. 1. P. e524–e525.

METHODS OF PRODUCING HIGH-QUALITY «TOUCH DNA» FROM NON-POROUS SURFACE AFTER VISUALIZING FINGER MARKS: EXPERIENCE OF THE USA

A.G. Kholevchuk

We consider foreign experience on optimization of processes of obtaining quantitative and qualitative characteristics of DNA during examination of finger marks obtained from non-porous surface that are necessary for carrying out expert identification studies. The author highlights some problems encountered in the process of obtaining DNA during the examination of hand traces and subsequent identification of an individual.

Keywords: analysis, identification of an individual, dactyloscopy, examination, DNA.

References

1. Lee H.C., Palmbach T., Miller M.T. *Henry Lee's Crime Scene Handbook*, 1st ed. San Diego, CA: Elsevier Academic Press, 2001. P. 135–141.
2. Schulz M.M., Reichert W. Archived or Directly Swabbed Latent Fingerprints as a DNA Source for STR Typing // *Forensic Science International*. 2002. Vol. 127. Iss. 1–2. P. 128–130.
3. Solomon A.D., Hytinen M., McClain A.M., Miller M.T., Cruz T.D. Optimized Methods for Collection and Extraction of DNA from Archived Latent Fingerprints // In: *Proceeding of 68th Annual Scientific Meeting of the American Academy of Forensic Sciences*. Las Vegas, NV, 2016. Abstract B108.
4. Budowle B., Eisenberg A.J., Van Daal A. Validity of Low Copy Number Typing and Applications to Forensic Science // *Croatian Medical Journal*. 2009. Vol. 50. Iss. 3. P. 207–217.
5. Gill P., Whitaker J., Flaxman C., Brown N., Buckleton J. An Investigation of the Rigor of Interpretation Rules for STRs Derived from less than 100 pg of DNA // *Forensic Science International*. 2000. Vol. 112. Iss. 1. P. 17–40.
6. Kloosterman A.D., Kersbergen P. Efficacy and Limits of Genotyping Low Copy Number (LCN) DNA Samples by Multiplex PCR of STR Loci // *International Congress Series*. 2003. Vol. 1239. P. 795–798.
7. Smith P.J., Ballantyne J. Simplified Low-Copy-Number DNA Analysis by Post-PCR Purification // *Journal of Forensic Science*. 2007. Vol. 52. Iss. 4. P. 820–829.
8. Whitaker J.P., Cotton E.A., Gill P. A Comparison of the Characteristics of Profiles Produced with the AMPF ℓ STR SGM plus Multiplex System for Both Standard and Low Copy Number (LCN) STR DNA Analysis // *Forensic Science International*. 2001. Vol. 123. Iss. 2–3. P. 215–223.
9. Leclair B., Sgueglia J.B., Wojtowicz P.C., Juston A.C., Frégeau C.J., Fourney R.M. STR DNA Typing: Increased Sensitivity and Efficient Sample Consumption Using Reduced PCR Reaction Volumes // *Journal of Forensic Science*. 2003. Vol. 48. Iss. 5. P. 1001–1013.
10. Westen A.A., Nagel J.H.A., Benschop C.C.G., Weiler N.E.C., De Jong B. J., Sijen T. Higher Capillary Electrophoresis Injection Settings as an Efficient Approach to Increase the Sensitivity of STR Typing // *Journal of Forensic Science*. 2009. Vol. 54. Iss. 3. P. 591–598.
11. Forster L., Thomson J., Kutranov S. Direct Comparison of Post-28-Cycle PCR Purification and Modified Capillary Electrophoresis Methods with the 34-Cycle «Low Copy Number» (LCN) Method for Analysis of Trace Forensic DNA Samples // *Forensic Science International: Genetics*. 2008. Vol. 2. Iss. 4. P. 318–328.
12. Hytinen M.E., Solomon A.D., Miller M.T., Cruz T.D. Methods for Obtaining High-Quality Touch DNA from a Nonporous Surface after Latent Fingerprint Collection // *Journal of Forensic Identification*. 2017. Vol. 67. Iss. 1. P. 71–84.
13. QIAGEN. *QIAamp DNA Mini and Blood Mini Handbook*. 4thed. QIAGEN: Valencia, CA, 2015.
14. QIAGEN. *QIAamp DNA Investigator Handbook*. Number 1072908. QIAGEN: Valencia, CA, 2012.
15. QIAGEN. *Investigator Quantiplex Handbook*. QIAGEN: Valencia, CA, 2014.
16. Life Technologies. *AmpF ℓ STR Identif iler Plus PCR Amplification Kit User Guide*, publication number 4440211, revision F. Thermo Fisher Scientific: Carlsbad, CA, 2015. URL: http://tools.thermofisher.com/content/sfs/manuals/cms_076395.pdf (data obrashcheniya: 23.12.2019).
17. QIAGEN. *MinElute Handbook*. QIAGEN: Valencia, CA, 2008.

18. Adamowicz M.S., Stasulli D.M., Sobestanovich E.M., Bille T.W. Evaluation of Methods to Improve the Extraction and Recovery of DNA from Cotton Swabs for Forensic Analysis // *PLoS One*. 2014. Vol. 9. Iss. 12. URL: <http://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0116351> (data obrashcheniya: 23.12.2019).
19. Ostojic L., Klempner S.A., Patel R.A., Mitchell A.A., Axler-DiPerte G.L., Wurmbach E. Qualitative and Quantitative Assessment of Single Fingerprints in Forensic DNA Analysis // *Electrophoresis*. 2014. Vol. 35. Iss. 21–22. P. 3165–3172.
20. Pang B.C.M., Cheung B.K.K. Double Swab Technique for Collecting Touched Evidence // *Legal Medicine*. 2007. Vol. 9. Iss. 4. P. 181–184.
21. Thomasma S.M., Foran D.R. The Influence of Swabbing Solutions on DNA Recovery from Touch Samples // *Journal of Forensic Science*. 2013. Vol. 58. Iss. 2. P. 465–469.
22. Van Oorschot R.A.H., Phelan D.G., Furlong S., Scarfo G.M., Holding N.L., Cummins M.J. Are You Collecting All the Available DNA from Touched Objects? // *International Congress Series*. 2003. Vol. 1239. P. 803–807.
23. Saferstein R. *Criminalistics: An Introduction to Forensic Science*, 6th ed. Prentice-Hall: Upper Saddle River, NJ, 1998. P. 450.
24. Steadman S.A., Hooper S.R., Geering S.C., King S., Bennett M.A. Recovery of DNA from Latent Fingerprint Tape Lifts Against Matte Acetate // *Journal of Forensic Science*. 2015. Vol. 60. Iss. 3. P. 777–782.
25. Thamnurak C., Bunakharasawat W., Riengrojpitak S., Panvisavas N. DNA Typing from Fluorescent Powder Dusted Latent Fingerprints // *Forensic Science International: genetics*. 2011. Vol. 3. Iss. 1. P. e524–e525.