ГЕНЕТИКА, 2021, том 57, № 1, с. 5–14

ОБЗОРНЫЕ И ТЕОРЕТИЧЕСКИЕ СТАТЬИ

УДК 575.17+577.2+343.982.32

ТЕОРЕТИЧЕСКИЕ ПОДХОДЫ К ФОРМИРОВАНИЮ ПАНЕЛЕЙ ДНК-МАРКЕРОВ ДЛЯ ОПРЕДЕЛЕНИЯ ЭТНОГЕОГРАФИЧЕСКОГО ПРОИСХОЖДЕНИЯ ИНДИВИДА В СУДЕБНОЙ ЭКСПЕРТНОЙ ДЕЯТЕЛЬНОСТИ

© 2021 г. М. С. Парфенчик[1], *, С. А. Котова[2]

[1]Центральный аппарат Государственного комитета судебных экспертиз Республики Беларусь, Минск, 220030 Республика Беларусь

[2]Научно-практический центр Государственного комитета судебных экспертиз Республики Беларусь, Минск, 220114 Республика Беларусь

**e-mail: maria.parfenchyk@gmail.com*

Поступила в редакцию 25.12.2019 г.
После доработки 26.06.2020 г.
Принята к публикации 24.07.2020 г.

Установление этногеографического происхождения неизвестного индивида при криминалистических исследованиях может нести важную информацию для следствия. Данная информация может быть извлечена из биологических следов посредством использования технологий массового параллельного секвенирования ДНК и специально разработанных панелей маркеров. Формирование панелей маркеров, применяемых при установлении этногеографического происхождения индивида, происходит в два этапа: 1) получение данных о полиморфизме ДНК индивидов из различных популяций; 2) отбор и проверка отобранных маркеров аутосомной, Y-, X-хромосомной ДНК. В случае, если эти маркеры ассоциированы с генетическими заболеваниями, их использование может быть ограничено в связи с необходимостью соблюдения медицинской тайны. В настоящей статье анализируются опубликованные в научно-практической литературе подходы к отбору маркеров, используемых при дифференцировке популяций с целью формирования панели маркеров и ее применения в судебной экспертизе в Республике Беларусь при установлении этногеографического происхождения неизвестного индивида.

Ключевые слова: судебная генетическая экспертиза, этногеографическое происхождение индивида, массовое параллельное секвенирование.

DOI: 10.31857/S0016675821010100

Технологии массового параллельного секвенирования позволяют извлечь из следов, оставленных на месте происшествия, биологическую информацию об индивиде, в том числе об его этногеографическом происхождении. Данные сведения могут быть использованы при сужении круга подозреваемых, особенно в тех случаях, когда свидетельских показаний недостаточно, они противоречивы либо вообще отсутствуют. Этногеографическое происхождение индивида может быть установлено посредством использования панелей маркеров, основанных на полиморфизме ДНК.

Наиболее информативными для определения происхождения индивида являются панели маркеров, построенные из единичных нуклеотидных замен (SNPs) аутосомной ДНК в сочетании с SNPs половых хромосом, полиморфизмом микросателлитов или коротких тандемных повторов (STRs). В научной литературе опубликованы панели маркеров, используемые для установления происхождения индивида на уровне континентов [1–4], дифференциации европейских популяций [5–8], а также популяций внутри страны (на примере Нидерландов [9]). Особое внимание уделяется вопросу установления географически смешанного происхождения индивида [10–12]. Ученые рассматривают особенности применения коммерческих наборов для установления происхождения индивида на базе технологий высокопроизводительного секвенирования [13–18].

Масштабного исследования белорусского этноса с применением технологий массового параллельного секвенирования до 2020 г. не проводилось, что выразилось в отсутствии данных о полиморфизме локусов ДНК, анализируемых с помощью указанных технологий и используемых в криминалистике. При этом остается открытым

вопрос о возможности широкогеномных маркеров, применяемых при установлении этногеографического происхождения неизвестного индивида, выявлять генетические различия между локальными белорусскими популяциями.

Настоящая работа посвящена анализу теоретических подходов к формированию панелей маркеров, направленных на установление этногеографического происхождения индивида и дифференциацию популяций, перспективных для применения в судебной экспертизе Республики Беларусь.

Далее будет рассмотрен опыт изучения генетического разнообразия белорусского этноса; затем – охарактеризованы основные этапы диагностирования этногеографического региона по полиморфизму ДНК и маркеры (SNP и STR маркеры аутосомной, Y-, X-хромосомной ДНК), используемые при установлении этногеографического происхождения индивида. Также будет уделено внимание вопросу использования данных о географическом распространении генетически обусловленных заболеваний при установлении этногеографического происхождения индивида.

ИССЛЕДОВАНИЯ БЕЛОРУССКОГО ЭТНОСА

Исследование белорусского этноса проводилось с помощью классических технологий VNTR, STR, ПДРФ анализа, праймер-специфичной ПЦР по маркерам X-, Y-хромосом [19, 20], митохондриальной и аутосомной ДНК [21], в том числе при сравнительном изучении населения стран Европы [22–24] и некоторых соседей – Польши [25–28], России [29, 30].

Отдельно стоит упомянуть изучение: генетической предрасположенности представителей различных популяций к таким заболеваниям как рак щитовидной железы [31], шизофрения [32]; мутаций в гене *GJB*2, приводящих к потере слуха [33]; полиморфизма генов, определяющих биотрансформацию лекарств [34]; полиморфизма гена аполипопротеина Е (APOE), участвующего в регуляции липидного обмена [35]. В научном исследовании [36, с. 702] были показаны различия Северного (Подвинье) и Восточного (Поднепровье) регионов Беларуси по частотам *ACE*-генотипов ангиотензин-превращающего фермента, а также дифференциация популяции Поднепровья от других регионов Беларуси по частотам *AGT*-генотипов гена ангиотензиногена.

По маркерам аутосомной ДНК население Беларуси изучалось в контексте исследования других популяций Центрально-Восточной Европы (поляков, украинцев и русских) [23, с. 4]. При изучении белорусской популяции с помощью 18 STR-маркеров аутосомной ДНК не выявлено статистически достоверных различий по частоте встречаемости аллелей в зависимости от региона страны [37, с. 275].

По данным исследования митохондриальной ДНК в генофонде населения Беларуси подавляющее большинство составляют гаплогруппы, типичные для центрально-восточных европейских популяций, но при этом наблюдается наличие двух редких гаплогрупп N1a3 и N3 [38].

По STR-маркерам Y-хромосомной ДНК выявлены гаплогруппы, характерные для восточно-европейских славян, северо-западных славян, южных славян и южных балтов, а также минорные гаплогруппы центрально- и восточно-азиатского происхождения как следствие ассимиляции в генофонде белорусов генофонда “литовских” татар [39–42]. Согласно полученным в исследовании [38] данным, около 80% Y-хромосом белорусов относятся к гаплогруппам R1a, I2a, N1c, что характерно для остальных восточно-европейских популяций (украинцев и русских); около 5% получила распространение среди белорусов гаплогруппа R1b; также небольшое распространение получили гаплогруппы I2b, N1b, J2, E1b1b1a.

В научной литературе имеются данные о возможности установления географической дифференциации на основе спектра исследованных генотипов [43, с. 284].

Так, например, в изученных выборках населения Беларуси [44] было выявлено неравномерное распределение гаплотипов Y-хромосомы с помощью 16 STR-маркеров. Согласно другому источнику, при изучении представителей четырех регионов Беларуси было показано, что по частотам локусов Y-хромосомы, входящих в “минимальный гаплотип”, изучаемая выборка неоднородна [45].

При изучении генетического разнообразия населения Беларуси с помощью микросателлитных локусов X-хромосомы была выявлена генетическая стратификация внутри страны – получились обособленными северо-западные выборки [46, 47].

Из вышесказанного следует, что белорусский этнос в общем генетически сходен с населением Центрально-Восточной Европы, однако даже по немногочисленным маркерам наблюдается отличие от ближайших стран-соседей, а также стратификация внутри страны, что создает потенциальную возможность для разработки научных и методических подходов к решению криминалистических задач нового типа по установлению этнической, региональной и популяционной принадлежности неизвестного индивида по характеристикам его ДНК. Для успешной реализации таких разработок необходимо провести популяционные исследования с целью поиска дополнительных маркеров, информативных в отношении дифференциации населения Республики Беларусь.

ЭТАПЫ ДИАГНОСТИРОВАНИЯ ЭТНОГЕОГРАФИЧЕСКОГО РЕГИОНА ПО ПОЛИМОРФИЗМУ ДНК

Диагностирование географического региона по полиморфизму ДНК происходит в два этапа: 1) отбор нуклеотидных замен, потенциально позволяющих решить поставленную задачу; 2) исследование образцов ДНК с помощью отобранных нуклеотидных замен и интерпретация данных.

1. Для отбора нуклеотидных замен, с помощью которых возможно различать популяции, используют данные о частотах аллелей в сравниваемых популяциях: чем больше разница по частоте встречаемости аллеля, тем выше его информативность (*In*) [48]. При этом для формирования панелей маркеров могут быть использованы другие критерии, такие как δ, F_{st} [49]. Стоит отметить, что в научной литературе отмечается наличие корреляции между *In* и F_{st} [50].

Учеными называются следующие принципы отбора нуклеотидных замен, при которых они должны быть: 1) широко распространены в геноме; 2) располагаться на достаточном расстоянии друг от друга, чтобы наследоваться независимо; 3) совместимы с коммерческими платформами; 4) сбалансировано подобраны для сравниваемых популяций. На случай возникновения проблемы при формировании мультиплекса желательно иметь альтернативные локусы [3, 10].

При отборе маркеров, расположенных на одной хромосоме, необходимо учитывать физическую связь между локусами (генетическое сцепление) и аллельную сцепленность в разных локусах (неравновесное сцепление генов). Первое может быть изучено с помощью наблюдаемой степени рекомбинации между маркерами внутри семейств, второе – путем сравнения наблюдаемых частот гаплотипов с ожидаемой частотой гаплотипов [51].

Поиск и отбор маркеров, информативных при установлении происхождения индивида, может быть произведен с помощью биоинформатического онлайн-ресурса – AncestrySNPminer, находящегося в свободном доступе. При использовании данного ресурса критериями информативности маркеров выступают: разница абсолютных частот аллелей (Δ) в изучаемых популяциях; информативное содержание Шеннона; информативное содержание Фишера; критерии F_{st} и *In*, а также композиционная мера (англ. composite measure), представляющая собой совокупный результат анализа маркеров по вышеуказанным пяти критериям [52].

2. После того как отобраны потенциально информативные генетические маркеры с их помощью производится анализ образцов ДНК для отнесения их к определенной популяции [53].

Анализ полиморфизма в изучаемых образцах ДНК проводится с использованием многомерных методов статистики, которые включают различные способы анализа данных в зависимости от цели и специфики последних. Анализ главных компонент (англ. principal component analysis) позволяет представить генетические варианты в виде векторов главных компонент, тем самым выявить структуру большого массива данных. Однако для корректной разбивки данных требуется большое количество (тысячи и миллионы) SNPs. Помимо анализа главных компонент исследователи используют алгоритмы неконтролируемого машинного обучения. Результатом такого рода анализа является уже некая классификация исследуемых образцов в виде группирующихся вместе кластеров (популяций). При этом для точности анализа требуется не большое количество маркеров, а множество исследуемых популяций [54].

Учеными обсуждаются и сравниваются программные продукты, предназначенные для анализа полиморфизма в образцах ДНК: программное обеспечение “ELAI” из группы методов, учитывающих неравновесное сцепление нуклеотидных замен, может быть наиболее эффективным при установлении происхождения образца; “RFMIX” и “LOTER”, не учитывающие неравновесное сцепление нуклеотидных замен, имеют преимущество в качестве возможности учесть большее количество параметров; “SWITCH” или “ELAI” могут быть использованы при необходимости рассчитать рекомбинационные события; “SUPPORMIX” рекомендовано для изучения смешанного происхождения генотипа, без знания предковых популяций; “ALLOY” применимо для расчета смешанного происхождения индивида; “LAMPLD”, “RFMIX” и “LOTER” подходят в случае, если анализу подлежит неполный гаплотип; “SEQMIX” успешно применимо при работе с низким покрытием прочитанных нуклеотидных последовательностей [55].

Обобщая вышесказанное, отметим, что в научной литературе для решения вопроса об этногеографическом происхождении неизвестного индивида определены критерии отбора ДНК-маркеров, информативных при разделении глобальных популяций, разработаны программные продукты для анализа и интерпретации полученных данных. При проведении исследования популяции в Беларуси с помощью технологий массового параллельного секвенирования можно воспользоваться уже выработанными принципами, критериями отбора и программными продуктами.

МАРКЕРЫ, ИСПОЛЬЗУЕМЫЕ ПРИ УСТАНОВЛЕНИИ ЭТНОГЕОГРАФИЧЕСКОГО ПРОИСХОЖДЕНИЯ ИНДИВИДА

В состав панелей, используемых при установлении этногеографического происхождения ин-

дивида, как правило, входят SNP и STR маркеры, расположенные на аутосомах, X-, Y-хромосомах. Отдельные панели маркеров построены на нуклеотидном полиморфизме митохондриальной ДНК.

Для SNP-маркеров характерны следующие особенности: диаллельность, относительно низкий уровень мутабильности, возможность применения на деградированном биологическом материале. Основные направления их использования: 1) идентификационное; 2) установление родства (Y-хромосомная ДНК и митохондриальная ДНК); 3) определение географического происхождения; 4) предсказание фенотипа [56].

Однако наиболее распространенные в криминалистике ДНК-маркеры – это STRs, которые были выбраны благодаря их высокой полиморфности. При этом анализ "смешанных" генетических STR-профилей от двух и более индивидов весьма затруднителен из-за присутствия статтеров, которые могут маскироваться под истинные аллели. Также STR не обладают высокой информативностью при установлении этногеографического происхождения индивида. SNP-маркеры имеют ряд преимуществ в основном из-за отсутствия статтеров, а также благодаря более низкой скорости мутирования в сравнении с STR-локусами [56, 57].

Опубликовано множество панелей маркеров, информативных для установления географического происхождения индивида, на примере анализа различных популяций показана их результативность. Их использованию в криминалистике препятствует отсутствие единой базы данных о частотах аллелей по исследованным локусам в изучаемых популяциях. В связи с этим по общему мнению научного сообщества усилия лабораторий необходимо направить не на создание новых панелей маркеров, а на анализ большего числа популяций и образцов с помощью уже имеющихся [58].

Точность определения происхождения индивида повышается в случае использования разных типов маркеров. Например, 76.3% корректного определения географического происхождения индивида в случае использования только SNP-маркеров аутосомной ДНК и 84.9% при использовании одновременно SNP-, STR-маркеров аутосомной, Y-хромосомной и митохондриальной ДНК [59].

Следует подчеркнуть, что исследование STR-маркеров аутосом, X- и Y-хромосом с использованием технологии полногеномного секвенирования позволяет выявить дополнительные однонуклеотидные полиморфизмы (как в самих микросателлитных последовательностях, так и в участках, их фланкирующих) и которые не могут быть учтены при фрагментном анализе [60]. В связи с развитием технологий и методов ДНК-анализа коллективом ученых опубликовано руководство по использованию STR-маркеров в криминалистике [61].

Далее будут рассмотрены особенности маркеров на Y- и X-хромосомах.

Y-хромосома содержит наибольший не подверженный рекомбинации участок ДНК в человеческом геноме, а благодаря высокому полиморфизму находит применение в криминалистике.

Выявленный нуклеотидный полиморфизм Y-хромосомы (245 маркеров) позволил в 2002 г. группе ученых (англ. Y. Chromosome Consortium) сконструировать иерархичное дерево, состоящее из 153 гаплогрупп [62]. Данное дерево позднее не раз дополнялось [63], при этом увеличивалось число гаплогрупп и маркеров. В варианте 2008 г. дерево состоит из 311 гаплогрупп, включая две новые большие гаплогруппы (S и T), и включает порядка 600 бинарных маркеров [64]. В связи с развитием технологий секвенирования ДНК учеными активно обсуждается вопрос целесообразности использования как можно большего количества SNP-маркеров Y-хромосомы для построения филогенетического дерева, поскольку тысячи выявленных Y-SNPs могут внести неясность при интерпретации результатов. Поэтому предложено в качестве стандарта использовать 417 SNPs, позволяющих идентифицировать основные гаплогруппы, ввести единую номенклатуру гаплогрупп [65]. На онлайн-ресурсе PhyloTree Y [66] размещена актуальная версия указанного филогенетического дерева. Более полное дерево доступно на ресурсе Международного общества генетической генеалогии (англ. International Society of Genetic Genealogy; сокр. ISOGG) [67]. Соответственно выработаны подходы по установлению гаплогруппы неизвестного индивида по полиморфизму Y-хромосомы.

В дополнение к SNP-маркерам Y-хромосомы при определении гаплогруппы могут быть успешно применены STR-маркеры. Для популяционно-генетических, генеалогических, криминалистических исследований опубликовано 194 STR-маркера [68]. Обсуждается возможность использования быстромутирующих STR-маркеров Y-хромосомы [69–72].

X-хромосома имеет ряд особенностей, что делает ее уникальной в человеческом геноме. Женщины наследуют по одной X-хромосоме от каждого из родителей, в то время как мужчины – одну, материнскую. Одна из двух X-хромосом у женщин инактивируется на ранних этапах развития и остается неактивной в соматических клетках, а при гаметогенезе реактивируется, благодаря чему происходит рекомбинация между двумя X-хромосомами. У мужчин между X- и Y-хромосомами рекомбинация происходит только между небольшими участками. Гены в X-хромосоме, которые не входят в рекомбинирующий регион, принадлежат только X-хромосоме и присутствуют в единствен-

ной копии в геноме мужчин [73]. Таким образом, маркеры, расположенные на Х-хромосоме, могут образовывать группы сцепления.

Например, X-STR-локусы, входящие в состав успешно используемого в криминалистике набора ArgusX-12, образуют четыре группы сцепления: 1) *DXS10148*, *DXS10135*, *DXS8378*; 2) *DXS7132*, *DXS10079*, *DXS10074*; 3) *DXS10103*, *HPRTB*, *DXS10101*; 4) *DXS10146*, *DXS10134*, *DXS7423*. Эффективность данного набора показана для популяций Швеции [51], Германии [74], Беларуси [46].

Помимо X-STR-маркеров в криминалистике при разделении основных континентальных популяций (африканской, американской, восточноазиатской, европейской, южно-азиатской) могут быть использованы X-SNPs [75].

В научной литературе высказывается идея, что с помощью маркеров, расположенных на половых хромосомах, можно выявить межпопуляционные различия внутри локальной территории, даже если частоты аллелей относительно однородны в более глобальном регионе [76]. Это было продемонстрировано на примере Китая [77], Испании [78].

Актуальная информация о полиморфизме ДНК человека представлена в базе данных ALFRED [79] и криминалистическом ресурсе FROG-kb [80], а также в таких проектах как: “1000 Геномов” [81], “Карта гаплотипа” (англ. HapMap) [82], “Разнообразие генома человека” (англ. The Human Genome Diversity Project) [83], “Рак в Нью-Йорке” (англ. New York Cancer Project) [84]. Нуклеотидный полиморфизм человеческой ДНК, выявленный в рамках данных проектов, становится объектом установления взаимосвязи генетического полиморфизма и определенных характеристик (цвет глаз и волос, географический регион, предрасположенность к заболеваниям и т.д.) представителей различных популяций.

Таким образом, при установлении этногеографического происхождения индивида при проведении судебной экспертизы наиболее перспективными маркерами являются SNPs аутосом, а также Y- и Х-хромосом. При этом в панель могут быть включены STR-маркеры ДНК, в том числе быстро мутирующие.

ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ДАННЫХ О ГЕОГРАФИЧЕСКОМ РАСПРОСТРАНЕНИИ ГЕНЕТИЧЕСКИ ОБУСЛОВЛЕННЫХ ЗАБОЛЕВАНИЙ И ПРИЗНАКОВ ПРИ УСТАНОВЛЕНИИ ЭТНОГЕОГРАФИЧЕСКОГО ПРОИСХОЖДЕНИЯ ИНДИВИДА

Отдельным направлением исследований является перспектива использования данных о географическом распространении некоторых генетически обусловленных заболеваний при дифференциации популяций.

В качестве примера научного консорциума, занимающегося установлением взаимосвязи между нуклеотидным полиморфизмом ДНК и генетически обусловленными заболеваниями и характеристиками людей, можно привести проект “Изучение популяционной структуры с использованием данных геномики и эпидемиологии” (англ. The Population Architecture Using Genomics and Epidemiology Study) [85]. В рамках названного исследования изучено распространение сахарного диабета 2-го типа, индекса массы тела, уровня жиров, сердечно-сосудистой недостаточности, рака и прочих биомаркеров в различных человеческих популяциях [86]. Установление взаимосвязи вышеуказанных параметров осложняется тем, что выборки из популяций составлены неравномерно и в основном изучены европейские популяции. Соответственно экстраполировать частоты встречаемости аллелей на другие регионы может быть не совсем корректно [87, 88].

Генетическое разнообразие человеческих популяций может быть обусловлено полигенной природой заболеваний, таких как ишемическая болезнь сердца, мерцательная аритмия, диабет 2-го типа, воспалительное заболевание кишечника, рак молочной железы [89]; или приспособлением к условиям среды, патогенам, демографическими процессами [90, 91].

Имеются данные о закономерностях географической приуроченности таких генетически детерминированных черт, как: склонность к шизофрении на примере популяций европейского и африканского происхождения [92]; диабет 2-го типа среди населения Гренландии [93], IgA нефропатии – главной причины почечной недостаточности среди лиц европейского, азиатского и афро-американского происхождения [94]; устойчивость к гипоксии населения Тибета [95].

Такая дополнительная информация, как наличие или предрасположенность к определенному генетическому заболеванию, как правило проявляющемуся фенотипически, может иметь большую значимость для идентификации индивида, биологический материал которого обнаружен на месте происшествия. Несмотря на это использование ее может быть ограничено в связи с необходимостью соблюдать медицинскую тайну [96–98].

Вместе с тем полагаем, что включение подобных маркеров в криминалистическую панель может повысить эффективность идентификации неизвестного индивида, при обязательном условии обеспечения защиты генетической информации.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Таким образом, для целей установления этногеографического происхождения неизвестного индивида и выявления различий между региональными популяциями Беларуси по полиморфизму ДНК имеющихся на сегодняшний день данных недостаточно. Результаты предыдущих исследований белорусского этноса были получены с помощью методов, проигрывающих по информативности технологиям массового параллельного секвенирования. Для решения криминалистических задач нового уровня в научной литературе описаны принципы отбора информативных ДНК-маркеров и формирования на их базе локусных панелей, а также предложены методы анализа и интерпретации полученных данных. Соответственно при выполнении поставленной задачи остается определиться с подходом при выборе ДНК-маркеров, источниками изучаемых генотипов, программным обеспечением. При этом можно использовать опыт изучения соседних популяций, а также маркеры, ассоциированные с генетическими заболеваниями (при условии соблюдения медицинской тайны).

Работа выполнена в рамках государственной научно-технической программы Союзного государства “Разработка инновационных геногеографических и геномных технологий идентификации личности и индивидуальных особенностей человека на основе изучения генофондов регионов Союзного государства” (ДНК-идентификация), 2017–2021 гг.

Настоящая статья не содержит каких-либо исследований с использованием в качестве объекта животных.

Настоящая статья не содержит каких-либо исследований с участием в качестве объекта людей.

Авторы заявляют, что у них нет конфликта интересов.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. *Kersbergen P., van Duijn K., Kloosterman A.D. et al.* Developing a set of ancestry-sensitive DNA markers reflecting continental origins of humans // BMC Genetics. 2009. V. 10. № 69. P. 1–13. https://doi.org/10.1186/1471-2156-10-69
2. *Kosoy R., Nassir R., Tian C. et al.* Ancestry informative marker sets for determining continental origin and admixture proportions in common populations in America // Human Mutat. 2009. V. 30. № 1. P. 69–78. https://doi.org/10.1002/humu.20822
3. *Phillips C., Parson W., Lundsberg B. et al.* Building a forensic ancestry panel from the ground up: The EUROFORGEN Global AIM-SNP set // Forensic Sci. Intern. Genet. 2014. V. 11. P. 13–25. https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2014.02.012
4. *Bulbul O., Pakstis A.J., Soundararajan U. et al.* Ancestry inference of 96 population samples using microhaplotypes // Intern. J. Legal Med. 2018. V. 132. № 3. P. 703–711. https://doi.org/10.1007/s00414-017-1748-6
5. *Lao O., Lu T.T., Nothnagel M. et al.* Correlation between genetic and geographic structure in Europe // Current Biology: CB. 2008. V. 18. № 16. P. 1241–1248. https://doi.org/10.1016/j.cub.2008.07.049
6. *Moskvina V., Smith M., Ivanov D. et al.* Genetic differences between five European populations // Human Heredity. 2010. V. 70. № 2. P. 141–149. https://doi.org/10.1159/000313854
7. *Seldin M.F., Shigeta R., Villoslada P. et al.* European population substructure: clustering of northern and southern populations // PLoS Genetics. 2006. V. 2. № 9. P. 1339–1351. https://doi.org/10.1371/journal.pgen.0020143
8. *Tian C., Kosoy R., Nassir R. et al.* European population genetic substructure: further definition of ancestry informative markers for distinguishing among diverse European ethnic groups // Mol. Medicine (Cambridge, Mass.). 2009. V. 15. P. 371–383. https://doi.org/10.2119/molmed.2009.00094
9. *Lao O., Altena E., Becker C. et al.* Clinal distribution of human genomic diversity across the Netherlands despite archaeological evidence for genetic discontinuities in Dutch population history // Investigative Genet. 2013. V. 4. № 1. P. 1–14. https://doi.org/10.1186/2041-2223-4-9
10. *Galanter J.M., Fernandez-Lopez J.C., Gignoux C.R. et al.* Development of a panel of genome-wide ancestry informative markers to study admixture throughout the Americas // PLoS Genetics. 2012. V. 8. № 3. P. 1–16. https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1002554
11. *Kidd J.R., Friedlaender F.R., Speed W.C. et al.* Analyses of a set of 128 ancestry informative single-nucleotide polymorphisms in a global set of 119 population samples // Investigative Genet. 2011. V. 2. № 1. P. 1–13. https://doi.org/10.1186/2041-2223-2-1
12. *Nievergelt C.M., Maihofer A.X., Shekhtman T. et al.* Inference of human continental origin and admixture proportions using a highly discriminative ancestry informative 41-SNP panel // Investigative Genet. 2013. V. 4. № 1. P. 1–16. https://doi.org/10.1186/2041-2223-4-13
13. *Xavier C., Parson W.* Evaluation of the Illumina ForenSeq™ DNA Signature Prep Kit – MPS forensic application for the MiSeq FGx™ benchtop sequencer // Forensic Sci. Intern. Genet. 2017. V. 28. P. 188–194. https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2017.02.018
14. *Pereira V., Mogensen H.S., Børsting C., Morling N.* Evaluation of the Precision ID Ancestry Panel for crime case work: A SNP typing assay developed for typing of 165 ancestral informative markers // Forensic Sci. Intern. Genet. 2017. V. 28. P. 138–145. https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2017.02.013
15. *Hussing C., Huber C., Bytyci R. et al.* Sequencing of 231 forensic genetic markers using the MiSeq FGx™ forensic genomics system – an evaluation of the assay and software // Forensic Sci. Res. 2018. V. 3. № 2. P. 111–123. https://doi.org/10.1080/20961790.2018.1446672

16. *Guo F., Yu J., Zhang L., Li J.* Massively parallel sequencing of forensic STRs and SNPs using the Illumina®ForenSeq™ DNA Signature Prep Kit on the MiSeq FGx™ Forensic Genomics System // Forensic Sci. Intern. Genet. 2017. V. 31. P. 135–148. https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2017.09.003
17. *Churchill J.D., Novroski N.M.M., King J.L. et al.* Population and performance analyses of four major populations with Illumina's FGx Forensic Genomics System // Forensic Sci. Intern. Genet. 2017. V. 30. P. 81–92. https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2017.06.004
18. *Apaga D.L.T., Dennis S.E., Salvador J.M. et al.* Comparison of two massively parallel sequencing platforms using 83 single nucleotide polymorphisms for human // Nature. 2017. V. 7. № 1. P. 1–6. https://doi.org/10.1038/s41598-017-00510-3
19. *Shyla A., Borovko S.R., Tillmar A.O. et al.* Belarusian experience of the use of FamLinkX for solving complex kinship cases involving X-STR markers // Forensic Sci. Intern. Genet. Suppl. Series. 2015. V. 5. P. e539–e541. https://doi.org/10.1016/j.fsigss.2015.09.213
20. *Borovko S., Shyla A., Korban V., Borovko A.* Amelogenin test abnormalities revealed in Belarusian population during forensic DNA analysis // Forensic Sci. Intern. Genet. 2015. V. 15. P. 98–104. https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2014.10.014
21. *Zhivotovsky L.A., Veremeichyk V.M., Mikulich A.I. et al.* A comprehensive population survey on the distribution of STR frequencies in Belarus // Forensic Sci. Intern. 2007. V. 172. № 2–3. P. 156–160. https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2007.01.009
22. *Karachanak-Yankova S., Nesheva D., Toncheva D., Galabov A.S.* The uniparental genetic landscape of modern Slavic speaking populations // Adv. Anthropology. 2017. V. 7. № 4. P. 318–332. https://doi.org/10.4236/aa.2017.74018
23. *Kushniarevich A., Utevska O., Chuhryaeva M. et al.* Genetic heritage of the Balto-Slavic speaking populations: A synthesis of autosomal, mitochondrial and Y-chromosomal data // PLoS One. 2015. V. 10. № 9. P. e0135820. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0135820
24. *Балановский О.П.* Изменчивость генофонда в пространстве и времени: синтез данных о геногеографии митохондриальной ДНК и Y-хромосомы: Автореф. дис. ... д-ра биол. наук. М.: ФГБУ "Медико-генетический науч. центр" Российской акад. мед. наук, 2012. 47 с.
25. *Soltyszewski I., Plocienniczak A., Fabricius H.A. et al.* Analysis of forensically used autosomal short tandem repeat markers in Polish and neighboring populations // Forensic Sci. Intern. Genetics. 2008. V. 2. № 3. P. 205–211. https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2008.02.003
26. *Rebała K., Mikulich A.I., Tsybovsky I.S. et al.* Y-STR variation among Slavs: evidence for the Slavic homeland in the middle Dnieper basin // J. Human Genet. 2007. V. 52. № 5. P. 406–414. https://doi.org/10.1007/s10038-007-0125-6
27. *Rebała K., Mikulich A.I., Tsybovsky I.S. et al.* Common Y-chromosomal STR database for three closely related European populations // Intern. Congress Series. 2006. V. 1288. P. 177–179. https://doi.org/10.1016/j.ics.2005.09.120
28. *Pepinski W., Niemcunowicz-Janica A., Skawronska M. et al.* Allele distribution of 15 STR loci in a population sample of Byelorussian minority residing in the north-eastern Poland // Forensic Sci. Intern. 2004. V. 139. № 2–3. P. 265–267. https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2003.11.013
29. *Балановский О.П., Тегако О.В.* Генофонд белорусов по данным о трех типах генетических маркеров: аутосомных, митохондриальных, Y-хромосомы // Актуальные вопр. антропологии. 2008. Т. 2. С. 53–65.
30. *Verbenko DA., Pogoda T.V., Spitsyn V.A. et al.* Apolipoprotein B 3'-VNTR polymorphism in Eastern European populations // Eur. J. Human Genet.: EJHG. 2003. V. 11. № 6. P. 444–451. https://doi.org/10.1038/sj.ejhg.5200986
31. *Nikitski A.V., Rogounovitch T.I., Bychkov A. et al.* Genotype analyses in the Japanese and Belarusian populations reveal independent effects of rs965513 and rs1867277 but do not support the role of FOXE1 polyalanine tract length in conferring risk for papillary thyroid carcinoma // Thyroid: Official J. Am. Thyroid Association. 2017. V. 27. № 2. P. 224–235. https://doi.org/10.1089/thy.2015.0541
32. *Kandratsenka H., Nestsiarovich A., Goloenko I. et al.* Association of MIR137 with symptom severity and cognitive functioning in Belarusian schizophrenia patients // Frontiers in Psychiatry. 2018. V. 9. P. 1–9. https://doi.org/10.3389/fpsyt.2018.00295
33. *Dzhemileva L.U., Barashkov N.A., Posukh O.L. et al.* Carrier frequency of GJB2 gene mutations c.35delG, c.235delC and c.167delT among the populations of Eurasia // J. Human Genet. 2010. V. 55. № 11. P. 749–754. https://doi.org/10.1038/jhg.2010.101
34. *Mikhalenka A., Chebotareva N., Krupnova E. et al.* Polymorphisms of drug-metabolizing enzymes CYP1A2, CYP2D6, GST, NAT2 and transporter MDR1 in population of Belarus: comparison with selected european and asian populations // EUREKA: Life Sci. 2016. V. 2. P. 27–36. https://doi.org/10.21303/2504-5695.2016.00105
35. *Borinskaya S.A., Kal'ina N.R., Sanina E.D. et al.* Polymorphism of the apolipoprotein E gene (APOE) in the populations of Russia and neighboring countries // Rus. J. Genet. 2007. V. 43. № 10. P. 1201–1207. https://doi.org/10.1134/S1022795407100158
36. *Сивицкая Л.Н., Кушнеревич Е.И., Даниленко Н.Г. и др.* Полиморфизм генов ренин-ангиотензиновой системы в шести этногеографических регионах Беларуси // Генетика. 2008. Т. 44. № 5. С. 702–709.
37. *Tsybovskii I.S., Veremeichik V.M., Kotova S.A. et al.* Developing forensic reference database by 18 autosomal STR for DNA identification in Republic of Belarus // Rus. J. Genet. 2017. V. 53. № 2. P. 275–284. https://doi.org/10.1134/S1022795417020132
38. *Kushniarevich A., Sivitskaya L., Danilenko N. et al.* Uniparental genetic heritage of belarusians: encounter of rare middle eastern matrilineages with a central European mitochondrial DNA pool // PLoS One. 2013. V. 8. № 6. P. e66499. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0066499

39. *Рожанский И., Цыбовский И.С., Богачева А.В. и др.* Белорусы: этногенез и связь с другими славянскими народами с позиции ДНК-генеалогии // Наука и инновации. 2013. Т. 3. № 21. С. 55–62.

40. *Pankratov V., Litvinov S., Kassian A. et al.* East Eurasian ancestry in the middle of Europe: genetic footprints of Steppe nomads in the genomes of Belarusian Lipka // Scientific Reports. 2016. V. 6. P. 30197. https://doi.org/10.1038/srep30197

41. *Кушнеревич Е.И., Давыденко О.Г.* Гаплогруппы Y-хромосом и происхождение национального генофонда // Наука и инновации. 2011. Т. 9. № 103. С. 12–15.

42. *Кушнеревич Е.И., Давыденко О.Г., Сивицкая Л.Н. и др.* Гаплогруппа R1A1A7(M458) Y-хромосомы современных белорусов и миграции предков славян на территории Беларуси // Генетика популяций и эволюция. 2011. Т. 9. № 1. С. 44–52.

43. *Богачева А.В., Цыбовский И.С., Киселева А.С. и др.* Исследование полиморфизма 20 STR-локусов Y-хромосомы у населения Беларуси с целью создания референтной базы данных // Генетика и биотехнология XXI века. Фундаментальные и прикладные аспекты: Материалы Междунар. науч. конф., 3–6 дек. 2008 г. / Под ред. Максимовой Н.П. и др. Минск: Изд. центр БГУ, 2008. С. 283–285.

44. *Цыбовский И.С., Киселева А.С., Микулич А.И. и др.* Исследование частот встречаемости гаплотипов Y-хромосомы у населения Беларуси для целей экспертного ДНК-анализа // Судебная экспертиза. 2007. Т. 1. № 21. С. 123–131.

45. *Rebała K., Tsybovsky I.S., Bogacheva A.V. et al.* Forensic analysis of polymorphism and regional stratification of Y-chromosomal microsatellites in Belarus // Forensic Sci. Intern. Genet. 2011. V. 5. № 1. P. e17–e20. https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2009.10.011

46. *Rębała K., Kotova S.A., Rybakova V.I. et al.* Variation of X-chromosomal microsatellites in Belarus within the context of their genetic diversity in Europe // Forensic Sci. Intern. Genet. 2015. V. 16. P. 105–111. https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2014.12.011

47. *Котова С.А., Рыбакова В.И., Забавская Т.Н. и др.* Полиморфизм микросателлитных локусов X-хромосомы этнических белорусов в контексте судебно-экспертной идентификации личности // Докл. Национальной акад. наук Беларуси. 2016. Т. 60. № 2. С. 78–84.

48. *Rosenberg N.A., Li L.M., Ward R., Pritchard J.K.* Informativeness of genetic markers for inference of ancestry // Am. J. Hum. Genet. 2003. V. 73. № 6. P. 1402–1422. https://doi.org/10.1086/380416

49. *Halder I., Shriver M., Thomas M. et al.* A panel of ancestry informative markers for estimating individual biogeographical ancestry and admixture from four continents: utility and applications // Human Mutat. 2008. V. 29. № 5. P. 648–658. https://doi.org/10.1002/humu.20695

50. *Kidd K.K., Speed W.C., Pakstis A.J. et al.* Progress toward an efficient panel of SNPs for ancestry inference // Forensic Sci. Intern. Genet. 2014. V. 10. P. 23–32. https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2014.01.002

51. *Tillmar A.O.* Population genetic analysis of 12 X-STRs in Swedish population // Forensic Sci. Intern. Genet. 2012. V. 6. № 2. P. 80–81. https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2011.07.008

52. *Amirisetty S., Hershey G.K.K., Baye T.M.* AncestrySNPminer: a bioinformatics tool to retrieve and develop ancestry informative SNP panels // Genomics. 2012. V. 100. № 1. P. 57–63. https://doi.org/10.1016/j.ygeno.2012.05.003

53. *Santos C., Phillips C., Gomez-Tato A. et al.* Inference of Ancestry in Forensic Analysis II: Analysis of Genetic Data // Forensic DNA Typing Protocols, Methods in Molecular Biology. N.Y.: Springer Sci., Business Media, 2016. V. 1420. P. 31. https://doi.org/10.1007/978-1-4939-3597-0_19

54. *Toma T.T., Dawson J.M., Adjeroh D.A.* Human ancestry indentification under resource constraints – what can one chromosome tell us about human biogeographical ancestry? // BMC Med. Genomics. 2018. V. 11. Suppl. 5. P. 75–87. https://doi.org/10.1186/s12920-018-0412-4

55. *Geza E., Mugo J., Mulder N.J. et al.* A comprehensive survey of models for detecting local ancestry deconvolution in human genome // Briefings in Bioinform. 2018. V. 1. P. 1–16. https://doi.org/10.1093/bib/bby044

56. *Budowle B., van Daal A.* Forensically relevant SNP classes // BioTechniques: The Intern. J. Life Sci. Methods. 2008. V. 44. № 5. P. 603–610. https://doi.org/10.2144/000112806

57. *Kidd K.K., Speed W.C., Pakstis A.J. et al.* Evaluating 130 microhaplotypes across a global set of 83 populations // Forensic Sci. Intern. Genet. 2017. V. 29. P. 29–37. https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2017.03.014

58. *Soundararajan U., Yun L., Shi M., Kidd K.K.* Minimal SNP overlap among multiple panels of ancestry informative markers argues for more international collaboration // Forensic Sci. Intern. Genet. 2016. V. 23. P. 25–32. https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2016.01.013

59. *Butler K. Gettings.* Forensic Ancestry and Phenotype SNP Analysis and Integration with Established Forensic Markers: thesis doctor of philosophy. Washington: The George Washington Univ., 2013. 140 p.

60. *Churchill J.D., Novroski N.M.M., King J.L. et al.* Characterization of genetic sequence variation of 58 STR loci in four major population groups // Forensic Sci. Intern. Genet. 2016. V. 25. P. 214–226. https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2017.06.004

61. *Phillips C., Devesse L., Ballard D. et al.* Global patterns of STR sequence variation: Sequencing the CEPH human genome diversity panel for 58 forensic STRs using the Illumina ForenSeq DNA Signature Prep Kit // Electrophoresis. 2018. V. 39. № 21. P. 2708–2724. https://doi.org/10.1002/elps.201800117

62. Y Chromosome Consortium. A nomenclature system for the tree of human Y-chromosomal binary haplogroups // Genome Research. 2002. V. 12. № 2. P. 339–348. https://doi.org/10.1101/gr.217602

63. *Jobling M.A., Tyler-Smith C.* The human Y chromosome: an evolutionary marker comes of age // Genetics. 2003. V. 4. P. 598–612.

64. *Karafet T.M., Mendez F.L., Meilerman M.B. et al.* New binary polymorphisms reshape and increase resolution of the human Y chromosomal haplogroup tree // Genome Res. 2008. V. 18. № 5. P. 830–838. https://doi.org/10.1101/gr.7172008

65. *van Oven M., van Geystelen A., Kayser M. et al.* Seeing the wood for the trees: a minimal reference phylogeny for the human Y chromosome // Human Mutat. 2014. V. 35. № 2. P. 187–191. https://doi.org/10.1002/humu.22468

66. PhyloTree Y – Minimal reference phylogeny for the human Y chromosome: Y tree, Y-SNPs, haplogroups [Electronic resource]. Mode of access: http://www.phylotree.org/Y/. Date of access: 28.07.2019.

67. ISOGG 2019 Y-DNA Haplogroup Tree [Electronic resource]. Mode of access: https://isogg.org/tree/. Date of access: 28.07.2019.

68. *Kayser M., Kittler R., Erler A. et al.* A comprehensive survey of human Y-chromosomal // Am. J. Human Genet. 2004. V. 74. № 6. P. 1183–1197. https://doi.org/10.1086/421531

69. *Kayser M.* Forensic use of Y-chromosome DNA: a general overview // Human Genet. 2017. V. 136. № 5. P. 621–635. https://doi.org/10.1007/s00439-017-1776-9

70. *Jobling M.A., Tyler-Smith C.* Human Y-chromosome variation in the genome-sequencing era // Nature Rev. Genet. 2017. V. 18. № 8. P. 485–497. https://doi.org/10.1038/nrg.2017.36

71. *de Knijff P.* Messages through Bottlenecks: On the combined use of slow and fast evolving polymorphic markers on the human Y chromosome // Am. J. Human Genet. № 67. P. 1055–1061. https://doi.org/10.1016/S0002-9297(07)62935-8

72. *Ballantyne K.N., Goedbloed M., Fang R. et al.* Mutability of Y-chromosomal microsatellites: rates, characteristics, molecular bases, and forensic implications // Am. J. Human Genet. 2010. V. 87. № 3. P. 341–353. https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2010.08.006

73. *Ross M.T., Grafham D.V., Coffey A.J. et al.* The DNA sequence of the human X chromosome // Nature. 2005. V. 434. № 7031. P. 325–337. https://doi.org/10.1038/nature03440

74. *Edelmann J., Lutz-Bonengel S., Naue J., Hering S.* X-chromosomal haplotype frequencies of four linkage groups using the Investigator Argus X-12 Kit // Forensic Sci. Intern. Genet. 2012. V. 6. № 1. P. 24–34. https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2011.01.001

75. *Prieto-Fernández E., Kleinbielen T., Baeta M., de Pancorbo M.M.* In-silico evaluation based on public data: In search of forensically efficient tri- and tetrallelic X-SNPs // Forensic Sci. Intern. Genet. 2018. V. 32. P. 5–6. https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2017.11.008

76. *Zarrabeitia M.T., Pinheiro F., de Pancorbo M.M. et al.* Analysis of 10 X-linked tetranucleotide markers in mixed and isolated populations // Forensic Sci. Intern. Genet. 2009. V. 3. № 2. P. 63–66. https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2008.10.001

77. *Zhang S., Bian Y., Li L. et al.* Population genetic study of 34 X-chromosome markers in 5 main ethnic groups of China // Scientific Reports. 2015. V. 5. P. 1–8. https://doi.org/10.1038/srep17711

78. *Zarrabeitia M.T., Mijares V., Riancho J.A.* Forensic efficiency of microsatellites and single nucleotide polymorphisms on the X chromosome // Intern. J. Legal Med. 2007. V. 121. № 6. P. 433–437. https://doi.org/10.1007/s00414-007-0169-3

79. ALFRED: allele frequency database [Electronic resource]. Mode of access: https://alfred.med.yale.edu/alfred/recordinfo.asp?UNID=SI664874J. Date of access: 27.07.2019.

80. FROG-kb [Electronic resource]. Mode of access: http://frog.med.yale.edu/FrogKB/. Date of access: 03.11.2019.

81. *Auton A., Brooks L.D., Durbin R.M. et al.* A global reference for human genetic variation // Nature. 2015. V. 526. № 7571. P. 68–74. https://doi.org/10.1038/nature15393

82. International HapMap Project [Electronic resource]. Mode of access: https://www.genome.gov/10001688/international-hapmap-project. Date of access: 27.07.2019.

83. Stanford University [Electronic resource]. Mode of access: https://www.hagsc.org/hgdp/. Date of access: 07.08.2019.

84. The New York Cancer Project [Electronic resource]. Mode of access: https://www.einstein.yu.edu/centers/cancer/support/research/N_Y_Cancer_Project.htm. Date of access: 07.08.2019.

85. Population Architecture Using Genomics and Epidemiology (PAGE) Consortium NHGRI [Electronic resource]. Mode of access:https://www.genome.gov/Funded-Programs-Projects/Population-Architecture-Using-Genomics-and-Epidemiology. Date of access: 15.03.2020.

86. *Matise T.C., Ambite J.L., Buyske S. et al.* The next PAGE in understanding complex traits: design for the analysis of Population Architecture Using Genetics and Epidemiology (PAGE) study // Am. J. Epidemiology. 2011. V. 174. № 7. P. 849–859. https://doi.org/10.1093/aje/kwr160

87. *Martin A.R., Gignoux C.R., Walters R.K. et al.* Human demographic history impacts genetic risk prediction across diverse populations // Am. J. Human Genet. 2017. V. 100. № 4. P. 635–649. https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2017.03.004

88. *Carlson C.S., Matise T.C., North K.E. et al.* Generalization and dilution of association results from European GWAS in populations of non-European ancestry: the PAGE study // PLoS Biology. 2013. V. 11. № 9. P. 1–11. https://doi.org/10.1371/journal.pbio.1001661

89. *Khera A.V., Chaffin M., Aragam K.G. et al.* Genome-wide polygenic scores for common diseases identify individuals with risk equivalent to monogenic mutations // Nature Genet. 2018. V. 50. № 9. P. 1219–1224. https://doi.org/10.1038/s41588-018-0183-z

90. *Barreiro L.B., Ben-Ali M., Quach H. et al.* Evolutionary dynamics of human Toll-like receptors and their different contributions to host defense // PLoS Genetics. 2009. V. 5. № 7. P. 1–18. https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1000562

91. *Prohaska A., Racimo F., Schork A.J. et al.* Human disease variation in the light of population genomics // Cell. 2019. V. 177. № 1. P. 115–131. https://doi.org/10.1016/j.cell.2019.01.052

92. *Curtis D.* Polygenic risk score for schizophrenia is more strongly associated with ancestry than with schizophrenia // Psychiatric Genet. 2018. V. 28. № 5. P. 85–89. https://doi.org/10.1097/YPG.0000000000000206

93. *Moltke I., Grarup N., Jørgensen M.E. et al.* A common Greenlandic TBC1D4 variant confers muscle insulin resistance and type 2 diabetes // Nature. 2014. V. 512. № 7513. P. 190–193. https://doi.org/10.1038/nature13425

94. *Kiryluk K., Li Y., Sanna-Cherchi S. et al.* Geographic differences in genetic susceptibility to IgA nephropathy: GWAS replication study and geospatial risk analysis // PLoS Genet. 2012. V. 8. № 6. P. 1–16. https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1002765

95. *Yi X., Liang Y., Huerta-Sanchez E. et al.* Sequencing of 50 human exomes reveals adaptation to high altitude // Science. 2010. V. 329. № 5987. P. 75–78. https://doi.org/10.1126/science.1190371

96. *Rosenbaum S.* Insurance discrimination on the basis of health status: An overview of discrimination practices, federal law, and federal reform options // J. Law, Medicine & Ethics. 2009. V. 37. № 2. P. 101–120. https://doi.org/10.1111/j.1748-720X.2009.00423.x

97. *Perepechina I.O.* Legislative framework and value of the forensic DNA examination of health-related information for crime investigation // Forensic Sci. Intern.: Genetics Suppl. Series. 2013. V. 4. № 1. P. e360–e361. https://doi.org/10.1016/j.fsigss.2013.10.183

98. *Bradbury C., Köttgen A., Staubach F.* Off-target phenotypes in forensic DNA phenotyping and biogeographic ancestry inference: A resource // Forensic Sci. Intern. Genet. 2019. V. 38. P. 93–104. https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2018.10.010

The Theoretical Framework for the Panels of DNA Markers Formation in the Forensic Determination of an Individual Ethnogeographic Origin

M. S. Parfenchyk[a], * and S. A. Kotava[b]

[a] *The Central Office of the State Forensic Examination Committee of the Republic of Belarus, Minsk, 220030 Republic of Belarus*

[b] *Scientific and Practical Center of the State Forensic Examination Committee of the Republic of Belarus, Minsk, 220114 Republic of Belarus*

**e-mail: maria.parfenchyk@gmail.com*

Knowledge of the ancestry of an unknown individual from forensic DNA may provide to law enforcement investigation with important information. This information can be acquired from biological traces by means of massively parallel sequencing (MPS) technologies and developed panels of ancestry informative DNA markers (AIM panels). Developing of forensic AIM panelstakes two steps: 1) getting information about DNA polymorphism of individuals from different populations; 2) selection of polymorphic DNA patterns (autosomal, Y-, X-chromosomal) and validation of selected markers. The necessity of keeping medical secrecy in the context of protection of human rights may limit the usage of ancestry informative markers suitable for forensic needs if they are also associated with genetic diseases and physical traits. The article deals with the analysis of published strategies for selecting markers capable to differentiate populations with the aim of creating a panel of ancestry informative markers and applying it in the forensic analysis in the Republic of Belarus.

Keywords: forensic genetic analysis, ancestry informative markers, massively parallel sequencing.