

УДК 343.148

ИНТЕРПРЕТАЦИЯ РЕЗУЛЬТАТОВ И ФОРМА ВЫВОДОВ В ЗАКЛЮЧЕНИИ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКОЙ ЭКСПЕРТИЗЫ

Ахметов Ержан Берденович

sarapshy@gmail.com

Магистрант 2 курса специальности «7М04209–Судебная экспертиза»,

ЕНУ им. Л.Н.Гумилёва, Нур-Султан, Казахстан

Научный руководитель – Ахпанов А.Н.

Доказывание по уголовным делам, связанным с идентификацией личности, подозреваемого в совершении тяжких насильственных преступлений (убийство, половые преступления), террористического акта или его подготовки, идентификации лиц, участвовавших в региональных военных конфликтах, а также идентификации жертв массовых катастроф и неизвестных лиц и других категорий дел, в последнее время, большой степени опирается на результаты судебной экспертизы. В этих случаях молекулярно-генетическая экспертиза выступает как один из основных инструментов получения доказательственной информации, а в отдельных случаях ориентирует органы уголовного преследования в выборе направления ведения расследования, разработке следственных версий, а также совершенствовании методов обнаружения и изъятия биологических следов.

К сожалению, в настоящее время материалов учебно-методической направленности, разработанных в Казахстане, и в которых бы была проведена систематизация научных и практических данных из области отечественной судебной молекулярно-генетической экспертизы с учетом развития методов идентификации личности, не имеются. Пока единственный известный труд, охватывающий организационно-правовые основы производства данного вида экспертизы, ее характеристику, особенности подготовки материалов к их производству, относится к работе Дильбархановой Ж.Р. [1], где также высказано предложение о необходимости создания национальной базы ДНК.

Каждый этап работы с биологическим материалом, начиная с используемых криминалистами методов обнаружения биологического материала на месте происшествия, его изъятия, и до получения генетического профиля непосредственно в судебно-экспертной лаборатории, влияет на результат молекулярно-генетического исследования в целом.

Касаясь лабораторной практики, предварительная оценка результатов опирается непосредственно на анализ полученных электрофореграмм. Основные подходы к анализу данных инструментального анализа изложены в работе Buckleton [2, с. 24-35]. Вкратце, варианты результатов могут выглядеть следующим образом:

- полный генетический профиль, при котором аллели воспроизведены полностью по всем локусам исследуемой панели генетических маркеров;
- частичный генетический профиль – в данном случае наблюдается неполное воспроизведение одного или пары аллелей в одном или нескольких локусах, обусловленные либо ингибированием ПЦР-амплификации, либо деградацией ДНК;
- смешанный генетический профиль характеризуется наличием на электрофореграмме двух и более воспроизведенных аллелей для гомозиготных локусов, наличием трех и более аллелей в гетерозиготных локусах. Данная картина свидетельствует о наличии в исследуемом биологическом следе генетического материала, произошедших от не менее двух лиц. Интерпретация результатов исследования смешанных следов требует высокой квалификации эксперта.

Также возможно отсутствие всех аллелей, что обусловлено изначально отсутствием ДНК материала в объекте, что, в некоторых случаях, требует изучения и объяснения. При наличии множества пиков низкой интенсивности на уровне линии сигнала электрофореграммы, не позволяющие отнести их к аллелям исследуемого локуса либо ошибочно принять за таковые артефакты сигнала, можно утверждать о низкой концентрации генетического материала.

При анализе электрофореграмм эксперт может прийти к предварительным выводам, таким как: происходит ли биологический материал от донора мужского или женского генетического пола, а в случаях смесевых следов, если это возможно, то минимальное количество доноров, от которых произошел материал, их половую принадлежность, а также выделить доминирующий профиль в смеси.

Отталкиваясь в первую очередь от качества и количества воспроизведенных локусов, интерпретация результатов сводится к решению двух основных задач:

- соответствует ли генетический профиль, полученный из биологического материала, изъятого на месте преступления, образцу полученного от подозреваемого, потерпевшего, свидетеля и т.д. (в зависимости от расследуемого факта и субъекта расследования);
- если такое соответствие установлено, то какова вероятность случайного совпадения генетических признаков. Идентификационная значимость выявленного генотипа устанавливается статистическими методами анализа, основанные на теории вероятности. Основные положения и понятия теории вероятности и применение ее в аспекте экспертного анализа ДНК изложены в работе [2, главы 2 и 3]. Среди работ российских ученых можно выделить материалы, разработанные Пименовым М.Г. [3, с. 80-86], Ивановым П.Л. [4], Перепечиной И.О. [5] и другими. Основные положения указанных работ реализованы в отечественных судебно-экспертных методиках [6].

Как и в любой другой отрасли исследований, в судебной экспертизе применяются автоматизированные методы расчетов (к примеру, фоноскопической экспертизе, хроматографических исследованиях, инженерных видах экспертиз и др.), и молекулярно-генетическая экспертиза не исключение. Так, математические методы вероятностно-статистической обработки результатов реализованы в различных программных средствах обработки данных («Familias», «LR Mix», «EuroForMix», модули расчета ПО «GeneMapper» и др.), включенные, в том числе, и в зарубежные протоколы исследований и отечественные судебно-экспертные методики. В последнее время активно продвигается идея внедрения вероятностного генотипирования, у которой есть как свои сторонники, так и противники.

В настоящее время в международной практике широко распространены два способа оценки идентификационной значимости генетических признаков.

Первый способ заключается в непосредственном установлении величины вероятности события, что выявленные генетические признаки случайны. Другими словами, насколько данный генотип распространен в конкретной популяции населения.

В качестве примера использования данного подхода можно привести расследование уголовного дела по факту изнасилования несовершеннолетней, имевшее место в 2019 году в Карагандинской области. В ходе комплексного экспертного исследования вещественных доказательств были обнаружены биологические следы эпителиальной фракции, которые по

характеру преступного события могли принадлежать самой потерпевшей и входить в состав смешанных биологических следов с генетическим материалом, произошедшим от подозреваемого. Вследствие этого одной из задач экспертизы было исключить объекты, содержащие только профиль самой потерпевшей. В ходе исследования было установлено, что ДНК, выделенная из эпителиальной фракции, полностью совпадает с генетическим профилем потерпевшей. Вероятность случайного совпадения генетических признаков составляла $2,53 \times 10^{-29}$. Другими словами это означало, что в среднем 1 (один) человек из $3,95 \times 10^{28}$ обладает такими же генетическими признаками. В рассматриваемом примере величина случайного совпадения составляла ничтожно малые значения, что дало экспертам основания для вывода о том, что исследуемые биологические следы принадлежат самой потерпевшей.

Второй способ оценки построен на определении величины отношения вероятностей двух альтернативных (по сути, противоположных) событий, объясняющих происхождение биологических следов. При данной оценке принимаются гипотезы, что факт совпадения генетических профилей сравниваемых образцов может быть объяснен как тем, что генетический материал действительно произошел от подозреваемого (потерпевшего, свидетеля и т.д.), так и тем, что данное совпадение случайно, а лицо не причастно к расследуемому событию. Обе гипотезы являются совместимыми и подлежат оценке правдоподобия (LR – likelihood ratio), т.е. устанавливается во сколько раз вероятность первой гипотезы больше, чем вероятность второй, и выражается отношением первой ко второй. Данная оценка часто проводится при исследовании следов смешанной природы по уголовным делам, связанных с расследованием насильственных преступлений. Важно отметить, что построение гипотез зависит от специфики обстоятельств уголовного дела. Например, при определении вероятности наличия биологического материала подозреваемого Б. в биологическом материале, обнаруженного на одежде потерпевшей А. (при условии, что преступление совершено одним лицом), постановку гипотез событий можно представить следующим образом:

гипотеза №1 - генетический профиль, выявленный из биоматериала, обнаруженного на одежде потерпевшей А., принадлежит самой потерпевшей и подозреваемому Б;

гипотеза №2 - генетический профиль, выявленный из биоматериала с одежды потерпевшей А., принадлежит самой потерпевшей и неустановленному лицу Х.

Результаты расчетов: Вероятность того, что в данной смеси присутствует ДНК потерпевшей А. и подозреваемого Б. составляет $2,72 \times 10^{-3}$ (гипотеза №1). Вероятность того, что в данной смеси присутствует ДНК потерпевшей А. и одного неустановленного лица Х составляет $2,95 \times 10^{-24}$ (гипотеза №2). В этом случае коэффициент правдоподобия (LR) составил $9,22 \times 10^{20}$, т.е. вероятность первой гипотезы больше вероятности второй гипотезы на указанную величину LR.

Из вышесказанного и приведенных примеров следует, что исследуемые генетические признаки как в отдельности, так и в своей совокупности, относятся к групповым, и они обусловлены в первую очередь частотой встречаемости аллелей в отдельно взятой популяции населения, а их совокупная оценка идентификационной значимости осуществляется на применении законов теории вероятности. Кроме того, исследование ДНК осуществляется в пределах определенного количества локусов выбранной панели генетических маркеров. Следовательно, 100% индивидуальное генетическое тождество объектов при идентификации личности принципиально невозможно. Другими словами, «ДНК доказательства» являются косвенными. В случаях, когда донорство биологического материала от конкретного субъекта в исследуемом образце нельзя исключить, предусматривается только вывод в вероятной форме, какая бы не была высока вероятность случайного совпадения или коэффициент правдоподобия.

Данные обстоятельства поднимают вопросы о форме выводов эксперта в судебной молекулярно-генетической экспертизе, которые являются предметом дискуссии в научных кругах. Проблемам вероятностных форм выводов заключения эксперта, их допустимости и значимости в уголовном судопроизводстве посвящены работы Лубина А.Ф. [7], Овсянникова И.В. [8], и др., непосредственно проблемами категорических выводов в молекулярно-

генетической экспертизе занимались Губко М.В., Перепечина И.О. [9, 10] и др.

Как показывает практика производства судебно-молекулярных экспертиз зарубежных стран и принятой в Казахстане, эксперт может прийти к категорическому выводу в следующих случаях:

- представленный генетический материал пригоден для идентификации личности при полном или достаточном количестве воспроизведении генетических маркеров;

- генетический материал для идентификации личности непригоден, когда аллели локусов не воспроизведены полностью или же воспроизведены частично, но которые не позволили бы провести вероятностно-статистические исследования;

- при установлении половой принадлежности (присутствуют аллели полоспецифического маркера Amelogenin);

- происхождение генетического материала от конкретного лица, образец биологического материала которого был представлен на исследование, исключается. В этом случае сложность формирования данного категорического вывода не представляет, так как, как правило, отличие в значениях аллелей наблюдается по нескольким локусам. Исключения могут составлять случаи, где наблюдается отличие по 1, реже 3 локусам, в этом случае могут потребоваться дополнительные исследования (в т.ч. расчет мутаций, степени родственных отношений и т.д.).

В большинстве случаев результаты молекулярно-генетической экспертизы излагаются в вероятной форме. Это связано, помимо указанных выше причин, и состоянием самого объекта на момент исследования (частичная деградация, гнилостные изменения или загрязнение ингибиторами ПЦР реакций, например действие гуминовых кислот почвы и т.д.), ограничивающие число анализируемых генетических маркеров. Анализ производства молекулярно-генетических экспертиз по уголовным делам (n=442), выполненных в 2020 году в ИСЭ по г. Нур-Султан, показывает, что доля вероятных выводов составила около 70% от общего количества данных выводов по всем материалам [11]. Например, в уголовном деле (данные фигурантов дела изменены), возбужденному по ст. 120 ч. 3-1 п.1 УК РК, для производства СМГЭ были направлены abortивный материал потерпевшей К., образцы крови потерпевшей К. и подозреваемого Иванова П.С. По результатам экспертизы был дан следующий вывод: «Иванов П.С., 14.06.1987 года рождения, вероятно является биологическим отцом abortированного плода потерпевшей К., 12.06.2004 года рождения. Вероятность истинного отцовства для Иванова П.С. в отношении abortированного плода потерпевшей К., в пределах исследованных 21 локусов, составила 99,999999%». Форма выводов включает количество исследованных локусов, в соответствии с которыми производилась вероятностно-статистическая обработка.

Вероятный отрицательный вывод формируется в случаях исследования смешанных следов, при которых полностью исключить генотип подозреваемого не представляется возможным, однако в этих случаях экспертами проводится величина правдоподобия по аналогии расчетов вероятности событий двух гипотез, изложенных в выше описанном примере.

Одной из форм вероятного вывода является неопределенная форма. Данная формулировка приводится, например, в случаях исследования трупа неустановленного лица или установления личности без вести пропавшего. Идентификация осуществляется на основании исследования образцов от предполагаемых биологических родственников, при этом прижизненные биологические образцы генетического материала устанавливаемого лица не имеются либо их принадлежность лицу только предполагается. В качестве такого примера можно привести пример из практики: в дежурную часть ОП Урджарского района ВКО 26.10.2019 года обратился гр. К.С. с заявлением о содействии в поисках без вести пропавшего гр. С.С., связь с которым прервалась с 08.10.2019 года. Для исследования были представлены футболка и бритвенный станок, предположительно принадлежавшие гр. С.С., а также образцы крови гр. Б.К. и гр. С.В., являющиеся сестрами устанавливаемого гр. С.С. В результате экспертного исследования были даны следующие выводы:

«1. гр. Б.К., 28.06.1955 года рождения, вероятно является биологической сестрой человека, чей генетический материал установлен на бритвенном станке и футболке. Вероятность родства между ними составила 44,39% и 38,49% (по обоим родителям) и 53,62% и 59,33% (по одному из родителей).

2. гр. С.В., 23.05.1969 года рождения, вероятно является биологической сестрой человека, чей генетический материал установлен на бритвенном станке и футболке. Вероятность родства между ними по одному из родителей составила 67,91% и 79,53%».

В данном рассматриваемом случае экспертам не было достоверно известно, что устанавливаемый гр. С.С. и предполагаемые биологические сестры Б.К. и С.В. имеют общих родителей. При этом следствие данными сведениями не располагало, вопрос о биологическом родстве лиц в ходе следствия не отрабатывался. Согласно международным рекомендациям, при вероятности родства 80% и выше выдается заключение о том, что биологическое родство возможно, при вероятности 10% и ниже выдается заключение, что родство маловероятно. При значениях вероятности родства в диапазоне от 10% до 80% нельзя сказать о том, насколько вероятно то, или иное родство между людьми, поэтому выдается неопределенное заключение с указанием степени вероятности. Как правило, в таких ситуациях, требуется предоставление дополнительных образцов.

В целом следует отметить, что статистические методы интерпретации значимости генетических признаков представляют собой сложность для понимания как со стороны правоохранительных органов, так и для стороны защиты и суда. В следственной и судебной практике это зачастую является основанием для допроса экспертов в части дачи разъяснений результатов проведенного исследования. В некоторых случаях допрос обосновывается необходимостью дачи категорического ответа о происхождении генетического материала от конкретного лица. Справедливо будет отметить, что при производстве судебной экспертизы эксперту неизвестны все обстоятельства расследуемого дела. Более того, анализ всех материалов уголовного дела не относится к компетенции судебного эксперта.

В судебной практике зарубежных стран применяются номограммы для оценки результатов молекулярно-генетических исследований и другие подходы. Эксперт может оценить только вероятность случайного совпадения, оценка же происхождения биологического материала решается по совокупности всех обстоятельств дела и относится к компетенции органов, ведущих уголовное расследование. Так, в ходе следствия должны быть выяснены следующие ключевые аспекты: момент, когда биологический материал мог быть оставлен на месте преступления (до преступления, в момент его совершения или после), при каких обстоятельствах (действиях) биологические следы человека могли быть оставлены на предметах и т.д. Касательно последнего, существует ряд экспериментальных исследований (по гипотетическим ситуациям на примере потожировых следов), направленные на изучение различных факторов, способствующих или исключающих возможности оставления биологических следов на объектах (мытьё рук, динамический и статический контакты, влажность и температура окружающей среды и т.д.).

Проблемам исследования генетического материала, полученного из потожировых выделений с целью идентификации человека, посвящены работы казахстанских и зарубежных экспертов-практиков и ученых. Данные исследования Лейман Т.С. и других [12, с. 174] показывают возможность изучения потожировых следов на предметах одежды в целях идентификации личности, тогда как исследования отдельных объектов (упаковки для наркотических средств), предполагающих многочисленный контакт с разными лицами, нецелесообразно. Установлена невысокая вероятность обнаружения генетического материала, оставленного при кожном контакте с телом трупа [13, с. 102]. Экспериментальные исследования Sale [14, с.196] показывают возможность переноса ДНК содержащего материала при опосредованном контакте (через другого человека, предмет), т.е. при отсутствии прямого контакта с объектом.

Таким образом, многообразие следственных ситуаций и обстоятельств, подлежащих доказыванию, дает почву для дальнейшего научного анализа проблемы интерпретации

результатов экспертизы ДНК, выявления факторов, способствующих совершенствованию методов обнаружения и изъятия биологических следов на месте преступления, а также увеличению роли судебной молекулярно-генетической экспертизы в расследовании уголовных дел в целом.

Список использованных источников

1. Дильбарханова Ж.Р. Генотипоскопическая экспертиза в расследовании преступлений. Учебно-практическое пособие. – Алматы, 2007. – 88 с.
2. Buckleton J.S., Triggs C.M., Walsh S.J. Forensic DNA Evidence Interpretation. – Boca Raton, 2005. – 552 pages.
3. Пименов М.Г., Культин А.Ю., Кондрашов С.А. Научные и практические аспекты криминалистического ДНК-анализа — М., 2002. – 144 с.
4. Иванов П.Л. Использование индивидуальных систем на основе полиморфизма длины амплифицированных фрагментов (ПДАФ) ДНК в судебно-медицинской экспертизе идентификации личности и установления родства. Методические указания №98/253, МЗ РФ, 1999. [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://docs.cntd.ru/document/556354310>
5. Перепечина И.О., Гришечкин С.А. Вероятностные расчеты в ДНК-дактилоскопии – М., 1996. – 16 с.
6. Методики. / Центр судебных экспертиз Министерства юстиции Республики Казахстан. [Электронный ресурс]. – Режим доступа: http://forensic.gov.kz/science_activity/ru
7. Лубин А.Ф. О допустимости вероятностных выводов экспертного заключения в уголовном судопроизводстве // Вестник Нижегородской академии МВД России. – 2019. – №3 (47). – С.138-142.
8. Овсянников И.В. К вопросу о вероятном заключении эксперта / Межрегиональное бюро судебных экспертиз им. Сикорского. [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <https://www.expertsud.ru/content/view/213/36/>
9. Губко М.В., Перепечина И.О. Описание математической модели принятия судебных решений с использованием результатов ДНК-идентификации// Гражданин и право. – 2001. – № 4. – С. 30-40.
10. Перепечина И.О. Проблема категорического экспертного вывода в судебной ДНК-идентификации и разработка подходов к ее решению. / Черные дыры в Российском Законодательстве 2003'2. [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://www.kpress.ru/bh/2003/2/perepechina/perepechina.asp>
11. Данные о производстве молекулярно-генетических экспертиз в лаборатории Института судебных экспертиз по г. Нур-Султан за 2020 год.
12. Лейман Т.С., Ветринская А.А., Белоусова С.В. Проблемные вопросы молекулярно-генетической экспертизы потожировых следов // Вопросы криминологии, криминалистики и судебной экспертизы. Сборник научных трудов. – 2013. – №1 (33). – С. 174-177.
13. Фалеева Т.Г., Корниенко И.В., Иванов И.Н. и др. Особенности ДНК-идентификации потожировых следов на кожных покровах трупов // Теория и практика судебной экспертизы. – 2018. – Т. 13, №2. – С. 97-104.
14. Cale CM, Earll ME, Latham KE, Bush GL. Could Secondary DNA Transfer Falsely Place Someone at the Scene of a Crime? // Journal of Forensic Sciences. – 2016. – Vol. 61(1). – P.196-203.