

УДК 340.64 + 343.982.323

DOI: 10.34215/1609-1175-2023-4-42-46



Настоящее и будущее судебно-медицинской генетики

Т.А. Фоминых, В.С. Уланов, А.Н. Захарова, В.В. Киселев

Крымский федеральный университет им. В.И. Вернадского, Симферополь, Россия

Статья посвящена перспективным направлениям судебно-медицинской генетики. Впервые использованный в ходе уголовного расследования в 1987 году ДНК-анализ обнаруженных на месте преступления биологических следов произвел революцию в судебно-медицинской экспертизе. За прошедшие три десятилетия были достигнуты значительные успехи в возможностях распознавания, скорости работы и чувствительности методов профилирования ДНК, а также их способности типировать все более сложные образцы. Создание баз данных ДНК-профилей преступников и частот популяционных аллелей позволяет идентифицировать подозреваемых по образцам с места преступления и статистически обрабатывать ДНК-доказательства для оценки их достоверности. В настоящее время мы можем идентифицировать даже отдельные клетки, оставленные на месте преступления, а также успешно анализировать древние человеческие останки. Судебно-медицинское ДНК-профилирование позволяет идентифицировать не только лица, известные следственным органам. В настоящее время специалисты используют новые генетические маркеры, способные расширить рамки методов ДНК-профилирования. Современные разработки позволяют извлекать из биологических следов новые виды криминалистически значимой информации, например используются молекулярные подходы к поиску лиц, ранее неизвестных следователям, предложены новые методики для выявления связи между донорами судебно-медицинских образцов и совершёнными преступлениями. Современные достижения в расшировке генома человека, доступность методик полногеномного анализа и секвенирования позволяют в ближайшей перспективе разработать новые инструменты для судебно-медицинского анализа ДНК.

Ключевые слова: судебно-медицинская генетика, идентификация личности, ДНК-дактилоскопия, ДНК-фенотипирование

Поступила в редакцию: 07.04.23. Получена после доработки: 12.05.23. Принята к публикации: 13.10.23

Для цитирования: Фоминых Т.А., Уланов В.С., Захарова А.Н., Киселев В.В. Настоящее и будущее судебно-медицинской генетики. *Тихоокеанский медицинский журнал*. 2023;4:42–46. doi: 10.34215/1609-1175-2023-4-42-46

Для корреспонденции: Фоминых Татьяна Аркадьевна – д-р мед. наук, профессор, зав. кафедрой судебной медицины Института «Медицинская академия имени С.И. Георгиевского» «КФУ» им. В.И. Вернадского» (295051, г. Симферополь, бульвар Ленина, 5/7); ORCID: 0000-0001-6572-2387; e-mail: tanusha.ark@gmail.com

The present and future of forensic genetics

T.A. Fominykh, V.S. Ulanov, A.N. Zakharova, V.V. Kiselev

Vernadsky Crimean Federal University, Simferopol, Russia

In this article, we discuss the current state and future directions in the field of forensic genetics. The DNA analysis of biological traces found at a crime scene, which was first used in a criminal investigation in 1987, did revolutionize forensic science. Over the past three decades, significant advances have been made in the recognition capacity, speed, and sensitivity of DNA profiling methods, as well as in their capability of typing increasingly complex patterns. Creation of DNA databases of criminals and crime scenes, as well as population allele frequencies, allows suspects to be identified from crime scene samples and DNA evidence to be statistically processed to verify its reliability. At present, it has become possible to identify even single cells left at a crime scene and to successfully analyze ancient human remains. Forensic DNA profiling can be used to identify not only individuals known to the investigating authorities. Experts are increasingly applying new genetic markers that can expand the scope of DNA profiling methods. Modern developments enable extraction of new types of forensically significant information from biological traces, e.g., using molecular approaches to searching for individuals previously unknown to investigators. New methods have been proposed to identify the relationship between the donors of forensic samples and the crimes committed. Modern advances in the decoding of the human genome, as well as the availability of genome-wide analysis and sequencing techniques, pave the way for new forensic DNA tools capable of enhancing the quality of forensic science in the near future.

Keywords: forensic genetics, personal identification, DNA fingerprinting, DNA phenotyping

Received 7 April 2023; Revised 12 May 2023; Accepted 13 October 2023

For citation: Fominykh T.A., Ulanov V.S., Zakharova A.N., Kiselev V.V. The present and future of forensic genetics. *Pacific Medical Journal*. 2023;4:42–46. doi: 10.34215/1609-1175-2023-4-42-46

Corresponding author: Tatyana A. Fominykh, Dr. Sci. (Med.), Professor, Head of Department of Forensic Medicine, Institute «Medical Academy named after S.I. Georgievsky» Vernadsky Crimean Federal University (5/7 Lenina Boulevard, Simferopol 295051, Russia); ORCID: 0000-0001-6572-2387; e-mail: tanusha.ark@gmail.com

В настоящее время наблюдается прогресс в области судебной генетики (а теперь и судебной геномики), о чем свидетельствует рост числа публикаций по этой тематике за последние два десятилетия [1]. Анализ ДНК больше не предназначен исключительно

для сравнительного использования, а все шире применяется в ходе следственных мероприятий [2]. Случаи сексуального насилия, убийства часто раскрываются с помощью генетического анализа, когда профили ДНК, полученные из биологических образцов с места

преступления, совпадают с профилем подозреваемого или преступника из базы данных ДНК [3, 4]. Современная судебная генетика использует анализ и сравнение ДНК при определении отцовства или решении вопросов наследования, установлении личности в уголовных делах, когда на месте преступления обнаруживаются вещественные доказательства биологического происхождения, а также идентификации останков жертв массовых катастроф или пропавших без вести людей [3, 5, 6].

После открытия Ландштейнером в 1900 г. групп крови человека последние стали использоваться для идентификации личности, что можно считать отправным моментом в развитии судебной генетики [7]. В 1910 г. французский криминалист Эдмон Локар заявил, что «каждый контакт оставляет след», и предложил «принцип обмена Локара». В 1926 г. Томас Хант Морган предложил теорию генов, а открытие в 1953 г. двойной спирали ДНК позволило начать судебно-генетические исследования на молекулярном уровне [8, 9, 10]. В 1972 г. Ричард Левонтин впервые использовал «классические» белковые маркеры для доказательства того, что более 85% генетического разнообразия содержится внутри человеческих популяций, а не между ними; использование этих маркеров легло в основу технологий идентификации личности [11]. В 1984 г. Алек Джеффрис обнаружил необычайно изменчивые наследуемые паттерны повторяющихся ДНК, которые он проанализировал с помощью многолокусных зондов. Джеффрис назвал это «ДНК-дактилоскопией» [12, 13]. Со временем наряду с разработкой все более чувствительных методов, позволяющих типировать биологические образцы, состоящие даже из небольшого числа клеток, были разработаны протоколы и программное обеспечение для интерпретации прогностических маркеров фенотипических, родовых характеристик, биостатистического анализа и оценки доказательств [2].

В основе судебно-медицинского анализа ДНК лежит идея о генетической уникальности каждого человека (за исключением однойцевых близнецов). ДНК, извлеченная из биологических образцов, индивидуализирует материал путем прямого сравнения генетического профиля коротких tandemных повторов, полученных из биологических следов неизвестного происхождения, с профилем эталонного образца [14]. При исследовании места преступления целью судебно-медицинского генетического анализа является подтверждение предположения о том, что биологический материал принадлежит конкретному человеку, или поиск субъекта с совпадающим профилем из базы ДНК [4]. Образцы криминалистической ДНК анализируются путем сравнения повторяющихся участков, расположенных за пределами кодирующих участков ДНК. Количество повторяющихся единиц полиморфно, поскольку оно может быть разным у разных людей, и эта информация может быть использована (после соответствующей статистической оценки) для индивидуализации предметов и людей. Несмотря

на то что более 99,1% генома во всей человеческой популяции одинаковы, вариации в последовательности ДНК, называемые полиморфными маркерами, можно использовать для дифференциации или корреляции людей [3].

Создание баз данных ДНК

Развитие судебно-медицинской генетики сопровождалось появлением множества различных, не всегда совместимых, вариантов методик. Из-за использования лабораториями различных систем анализа отсутствовала возможность обмена результатами исследования. Наконец, ученые-криминалисты договорились о единой системе, что привело к развитию сотрудничества между большинством авторитетных судебно-медицинских лабораторий в Европе. Понимание того, что накопление информации о ДНК обеспечит уголовное правосудие эффективным способом раскрытия преступлений, привело к созданию ряда локальных баз данных. Благодаря внедрению технологии амплификации, основанной на анализе коротких tandemных повторов, появилась достаточно чувствительная и надежная система для формирования эффективных баз ДНК [15]. Свод законов, созданный в Великобритании в 1995 году, позволил судебно-медицинским экспертам создать первую национальную базу ДНК-данных, хранящую личные профили и ДНК, полученные с мест преступлений. В настоящее время Национальная база ДНК Англии и Уэльса включает более 2,75 миллиона эталонных ДНК-профилей, с которыми регулярно сравниваются образцы с мест преступлений. Вероятность того, что совпадение будет найдено, составляет примерно 30 процентов [13]. По пути создания национальных баз ДНК пошли и другие страны, но в некоторых из них законодательство строго ограничивает типы и количество данных, которые могут храниться, что соответственно также ограничивает эффективность таких баз. В силу использования серийно выпускаемых мультиплексных комплектов почти все европейские лаборатории в настоящее время используют совместимые системы, в результате чего появилась возможность организации общеевропейской базы ДНК-данных. Однако обмен результатами исследований на межгосударственном уровне остается ограниченным в силу различия законодательных баз, регулирующих данные вопросы [15].

ДНК-дактилоскопия

В начале 1980-х годов сэр Алек Джеффрис разработал метод молекулярной генетики для идентификации людей и индивидуализации биологических доказательств. Этот метод был назван ДНК-отпечатками пальцев и вызвал значительный ажиотаж в сообществе уголовного правосудия [7]. Метод был основан на расщеплении геномной ДНК рестрикционными ферментами с последующим блот-анализом по Саузерну. Однако он весьма трудоемок и требует большого количества исходной ДНК хорошего качества [3].

В 1983 г. Кэри Маллис предложил революционный для молекулярной биологии метод полимеразной цепной реакции (ПЦР), открывший новые возможности для ДНК-анализа в судебно-медицинской практике [7]. После появления метода ПЦР, дающего возможность восстанавливать информацию из очень малых по объему или деградировавших образцов, ДНК-профилирование весьма усилило свою дискриминационную способность (PD, Discriminatory Power), так как ПЦР способна амплифицировать за короткое время определенную последовательность ДНК в миллионы копий [13].

Однако применение ПЦР для судебно-медицинской экспертизы не сразу дало улучшение с точки зрения PD, фактически первое типирование коротких tandemных повторов (STR, Short Tandem Repeats) дало PD намного меньше, чем результаты предыдущих анализов [3, 16]. Судебно-медицинское ДНК-профилирование методом STR позволяет идентифицировать лица, уже известные правосудию. Преимуществом данной методики является способность анализировать разрушенную ДНК и очень небольшие объемы биологических материалов, содержащих ДНК [17]. Профили STR из биологических образцов с места преступления сравниваются с имеющимися профилями известных подозреваемых, затем идентифицируются полицией и включаются в национальную базу ДНК. Кроме того, профилирование STR используется при тестировании на родство, отцовство или материнство, а также для идентификации жертв стихийных бедствий (DVI, Disaster Victim Identification) или определения виновных в изнасиловании [7].

Однако STR-профилирование имеет недостатки, которые можно преодолеть с помощью SNP (Single Nucleotide Polymorphism). Последние в большей степени подходят для работы с образцами с сильно разрушенной ДНК. Однонуклеотидные полиморфизмы вряд ли заменят STR. Скорее они будут дополнять, а не вытеснять современные системы STR-типирования. Поскольку SNP имеют более низкую частоту мутаций по сравнению с STR, SNP с большей вероятностью «закрепятся» в конкретной популяции генетических вариантов и, таким образом, будут полезны для оценки этнической принадлежности на основе незначительных генетических различий. В настоящее время предпринимаются попытки различать цвет волос, глаз и другие фенотипические признаки с помощью SNP. Эта методика способна облегчить идентификацию человека при опознании жертв стихийных бедствий или анализе родства [17, 18].

Современный уровень науки предполагает использование технологий секвенирования следующего поколения (без ПЦР) для идентификации личности в случаях анализа сильно разложившихся и смешанных образцов, определения времени образования биологических следов и реконструкции физиологического состояния жертв и преступников в момент совершения преступления [17]. Более современные технологии массивно-параллельного секвенирования (MPS, Massive Parallel

Sequencing), или так называемые технологии секвенирования следующего поколения (NGS, Next Generation Sequencing), явились прорывом в биологических науках благодаря своей способности осуществлять миллионы считываний за один прогон секвенирования. Несмотря на то что MPS были приняты в области криминалистики относительно недавно, использование MPS для судебных приложений быстро расширилось за последние несколько лет. Существуют две основные технологические платформы, используемые для криминалистических применений MPS: метод секвенирования путем синтеза Illumina и секвенирование Ion Torrent на основе полупроводников Thermo Fisher [1].

Методика судебно-медицинского ДНК-фенотипирования

Методы STR- или SNP-профилирования позволяют идентифицировать только уже известные следственным органам личности. При отсутствии совпадений с известным подозреваемым или с базой данных ДНК применяются методы судебного ДНК-фенотипирования (FDP, Forensic DNA Phenotyping), позволяющие прогнозировать внешне видимые характеристики (EVC, Externally Visible Characteristics) по образцам ДНК [1, 17, 19]. Определение внешности по ДНК включает такие признаки, как цвет глаз и кожи, оттенок и структура волос, степень облысения, возраст с точностью, подходящей для практического применения. Индивидуально-специфическое прогнозирование особенностей черт лица на основе ДНК было бы наиболее полезно для поиска неизвестных людей, но в настоящее время это выходит за рамки нынешнего уровня развития генетических технологий [17]. Определение фенотипа человека необходимо в случаях розыска пропавших без вести и для идентификации жертв стихийных бедствий. ДНК-фенотипирование, кроме предсказания EVC, позволяет также определять биогеографическое происхождение субъекта и оценку возраста с использованием эпигенетических маркеров [1]. Определение по ДНК биогеографического происхождения уже возможно в пределах крупных географических образований и даже на субрегиональном уровне с использованием подходящих SNP. Выводы на основе ДНК о географической принадлежности субъекта с уточнением отдельных стран вряд ли когда-либо станут доступными [17]. Технология ДНК-фенотипирования уже внедрена в практику в ряде стран, легализация метода публично обсуждалась в Германии и Швейцарии. Следует подчеркнуть, что генетические заболевания исключены из ДНК-фенотипирования, поскольку использование таких данных нарушает неприкосновенность частной жизни [20].

Эпигенетические изменения влияют на паттерны экспрессии генов и регулируют важнейшие клеточные процессы [21]. Анализ степени метилирования ДНК позволяет предсказывать биологический возраст неизвестного человека и предоставляет чрезвычайно полезную информацию для исследователей, особенно в сочетании с определением EVC [1, 22, 23].

Генетическая генеалогия

После громкого ареста в 2018 г. Джозефа ДеАнджело в качестве подозреваемого в расследовании дела об убийце из Голден Стэйт внимание было сосредоточено на применении генетической генеалогии в судебно-медицинском контексте [24]. В то время как семейный поиск в базах данных криминалистической ДНК эффективно использовался для идентификации близких родственников подозреваемых посредством обнаружения общих аллелей в профилях STR, специалисты по генеалогии могут идентифицировать гораздо большее количество дальних родственников с помощью обнаружения идентичных участков ДНК в геноме, указывающих на общее происхождение [25]. Это достигается за счет использования огромных наборов генетических данных, собранных людьми, которые проходят генетические тесты непосредственно для потребителя (DTC, Direct-To-Consumer genetic testing) в целях генеалогического исследования [1].

Анализ Y-хромосомы

На современном этапе полиморфизмы Y-хромосомы используются во множестве расследований, хотя судмедэксперты начали проявлять интерес к этой хромосоме лишь начиная с 1992 г. [26]. Мужская Y-хромосома активно используется в криминалистическом ДНК-анализе, и особенно когда ДНК-профилирование по аутосомным маркерам не является информативным. Для определения отцовских линий неизвестных лиц, оставивших на месте преступления биологические следы, успешно используются гаплотипы, состоящие из полиморфизмов коротких tandemных повторов Y-хромосомы (Y-STR). Y-STR-гаплотипирование, дает возможность: 1) определить причастность подозреваемых лиц мужского пола к преступлению; 2) определить отцовскую линию мужчин-преступников; 3) выделить нескольких мужчин, имеющих совпадения с биологическими образцами; 4) предоставить следствию версии данных для поиска неизвестных преступников мужского пола. Y-STR-гаплотипирование применяется для разрешения споров об отцовстве в отношении потомков мужского пола и других видах проверки родства по отцовской линии, включая исторических персонажей, а также в случаях необходимости идентификации мужчин, пропавших без вести или ставших жертвами стихийных бедствий. Полиморфизмы Y-хромосомы позволяют по отцовской линии определить биогеографическое происхождения неопознанных или пропавших без вести лиц [27].

Важно отметить, что в подавляющем большинстве случаев Y-гаплотипы, в отличие от аутосомных STR-профилей, профили Y-STR (гаплотипы), не являются индивидуальными. То есть всегда будет некоторое количество мужчин со сходным профилем. Поэтому частота Y-гаплотипа имеет различную доказательную ценность. Использование полиморфизмов Y-хромосомы является мощным инструментом

в криминалистике при условии его осторожного применения и интерпретации. Например, он весьма эффективен как инструмент исключения из сложных смесей мужских и женских биологических следов, взятых на месте преступления [26]. Недостатком Y-хромосомных STR (Y-STR), которые используются для выделения мужского материала из смешанных образцов обоих полов, является то, что они тесно привязаны к отцовской линии. Однако проблему можно решить, применяя быстро мутирующие Y-STR [17].

Митохондриальная ДНК

В случаях сильного разложения образцов или наличия биологических материалов с ограниченным содержанием ДНК, таких как телогеновые волосные стержни, судебно-медицинские эксперты обращаются к методу анализа митохондриальной ДНК (мтДНК; mtDNA, mitochondrial DNA) [18]. мтДНК присутствует в клетках в гораздо большем количестве копий, чем ядерная ДНК, из которой копируются короткие tandemные повторы. мтДНК наследуется только от матери и, следовательно, не уникальна, поскольку другие родственники по материнской линии будут иметь одинаковую последовательность мтДНК при условии, что не произошло никаких мутаций. Анализ информации о последовательности мтДНК превосходит по времени проведения, трудоемкости и стоимости STR-типирование, но он часто дает результат, который невозможно получить стандартными методами STR-типирования [18].

Заключение

Быстро развивающееся направление судебно-генетических исследований в настоящее время предлагает различные новые методы анализа сложных для судебной экспертизы биологических следов и получения информации о доноре биологического образца. ДНК-анализ биоматериала, полученного в ходе уголовного расследования, позволяет получить убедительные доказательства. Однако если восстановленный профиль не совпадает с базой ДНК-данных, доказательства могут быть менее достоверны. Использование генетических маркеров решает большинство проблем, связанных с разрушенной ДНК, ДНК с низким числом копий и смесью нескольких ДНК. Благодаря успехам, достигнутым в расшифровке генома, наличию маркеров для проведения анализов на основе ПЦР, стало возможным идентифицировать личность по происхождению и анализировать родословную человека по результатам судебно-медицинской экспертизы ДНК. Последние достижения в области прикладной химии обеспечивают коммерческую доступность систем микрофлюидного генетического анализа, включающих все этапы обработки образцов в одном микроустройстве. Эта «лаборатория на чипе» может облегчить и ускорить судебно-медицинскую типизацию ДНК на месте преступления.

Конфликт интересов: авторы декларируют отсутствие явных и потенциальных конфликтов интересов, связанных с публикацией настоящей статьи.

Источник финансирования: авторы заявляют о финансировании проведенного исследования из собственных средств.

Участие авторов:

Сбор и анализ информации – ТАФ

Написание текста – ТАФ, ВСУ

Обоснование рукописи или проверка критически важного интеллектуального содержания – ВВК

Редактирование – АНЗ

Окончательное утверждение для публикации рукописи – ТАФ

Литература / References

- Haddrill PR. Developments in forensic DNA analysis. *Emerging topics in life sciences*. 2021;5(3):381–93. doi: 10.1042/ETLS20200304
- Giardina E, Ragazzo M. Special issue «Forensic Genetics and Genomics». *Genes (Basel)*. 2021;12(2):158. doi: 10.3390/genes12020158
- Giardina E, Spinella A, Novelli G. Past, present and future of forensic DNA typing. *Nanomedicine (London)*. 2011;6(2):257–70. doi: 10.2217/nnm.10.160
- Morling N. Forensic genetics. *Lancet*. 2004;364(1):10–1. doi: 10.1016/S0140-6736(04)17621-6
- Mishra A, Sathyan S, Shukla SK. Application of DNA Fingerprinting in an alleged case of paternity. *Biochemistry and Analytical Biochemistry*. 2015;4(2):165. doi: 10.4172/2161-1009.1000165
- Ungria MC. Forensic DNA analysis in criminal investigations. *The Philippine journal of science*. 2003;132: 13–9.
- Dumache R, Ciocan V, Muresan C, Enache A. Molecular genetics and its applications in forensic sciences. In: Shetty BSK, Padubidri JR, editors. *Forensic Analysis – From Death to Justice*. InTechOpen; 2016. P. 87–96. doi: 10.5772/63530
- Li C. Forensic genetics. *Forensic Sciences Research*. 2018;3(2):103–4. doi: 10.1080/20961790.2018.1489445
- Byard RW, James H, Berketa J, Heath K. Locard's principle of exchange, dental examination and fragments of skin. *Journal of Forensic Sciences*. 2016;61(2):545–7. doi: 10.1111/1556-4029.12964
- Reich DE, Schaffner SF, Daly MJ, McVean G, Mullikin JC, Higgins JM, Richter DJ, Lander ES, Altshuler D. Human genome sequence variation and the influence of gene history, mutation and recombination. *Nature Genetics*. 2002;32(1):135–42. doi: 10.1038/ng947
- Jobling MA. Forensic genetics through the lens of Lewontin: population structure, ancestry and race. *Philosophical transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological Sciences*. 2022;377(1852):20200422. doi: 10.1098/rstb.2020.0422
- Roewer L. DNA fingerprinting in forensics: past, present, future. *Investigative Genetics*. 2013;4(1):22. doi: 10.1186/2041-2223-4-22
- Gill P. DNA as evidence – the technology of identification. *The New England Journal of Medicine*. 2005;352(26):2669–71. doi: 10.1056/NEJMp048359
- Marano LA, Fridman C. DNA phenotyping: current application in forensic science. *Research and Reports in Forensic Medical Science*. 2019;9:1–8. doi: 10.2147/RRFMS.S164090
- Martin PD, Schmitter H, Schneider PM. A brief history of the formation of DNA databases in forensic science within Europe. *Forensic Science International*. 2001;119(2):225–31. doi: 10.1016/s0379-0738(00)00436-9
- Raina A, Dogra TD. Application of DNA fingerprinting in medicolegal practice. *Journal of Indian Medical Association*. 2002;100(12):688–94.
- Kayser M, de Knijff P. Improving human forensics through advances in genetics, genomics and molecular biology. *Nature Reviews Genetics*. 2011;12:179–92. <https://doi.org/10.1038/nrg2952>
- Butler JM. Forensic DNA testing. Cold Spring Harbor Protocols. 2011;2011(12):1438–50. doi: 10.1101/pdb.top066928
- Kayser M. Forensic DNA phenotyping: predicting human appearance from crime scene material for investigative purposes. *Forensic Science International: Genetics*. 2015;18:33–48. doi: 10.1016/j.fsigen.2015.02.003
- Schneider PM, Prainsack B, Kayser M. The use of forensic DNA phenotyping in predicting appearance and biogeographic ancestry. *Deutsches Ärzteblatt International*. 2019;116(51-52):873–80. doi: 10.3238/arztebl.2019.0873
- Bird A. Perceptions of epigenetics. *Nature*. 2007;447:396–98. doi: 10.1038/nature05913
- Ohgane J, Yagi S, Shiota K. Epigenetics: the DNA methylation profile of tissue-dependent and differentially methylated regions in cells. *Placenta*. 2008;22:29–35. doi: 10.1016/j.placenta.2007.09.011
- Vidaki A, Kayser M. Recent progress, methods and perspectives in forensic epigenetics. *Forensic Science International: Genetics*. 2018;37:180–95. doi: 10.1016/j.fsigen.2018.08.008
- Phillips C. The Golden State Killer investigation and the nascent field of forensic genealogy. *Forensic Science International: Genetics*. 2018;36:186–8. doi: 10.1016/j.fsigen.2018.07.010
- Mateen RM, Sabar MF, Hussain S, Parveen R, Hussain M. Familial DNA analysis and criminal investigation: Usage, downsides and privacy concerns. *Forensic Science International*. 2021;318:110576. doi: 10.1016/j.forsciint.2020.110576
- de Knijff P. On the forensic use of Y-chromosome polymorphisms. *Genes (Basel)*. 2022;13(5):898. doi: 10.3390/genes13050898
- Kayser M. Forensic use of Y-chromosome DNA: a general overview. *Human Genetics*. 2017 May;136(5):621–35. doi: 10.1007/s00439-017-1776-9