

Перспективные научные методики в процессе раскрытия и расследования тяжких и особо тяжких преступлений

Тарасов В. Ю.

*Тарасов Владимир Юрьевич / Tarasov Vladimir Yur'evich – преподаватель,
кафедра уголовно-правового обеспечения национальной безопасности, юридический факультет,
Московский технологический университет (МИРЭА, МГУПИ, МИТХТ), г. Москва*

Аннотация: *в условиях все возрастающего уровня насильственной преступности, в том числе серийных убийств, метод ДНК-идентификации является наиболее перспективным и точным, а также способен предопределить ход дальнейшего расследования уголовного дела, что обосновывается практикой применения данного метода в расследовании за рубежом.*

Abstract: *in the conditions of escalating level of violent crime, and that number of serial murders, DNA identification method, is the most perspective and exact and as it is capable to predetermine a course of further investigation of criminal case that locates practice of application of this method in investigation abroad.*

Ключевые слова: *ДНК-идентификация, доказательства, метод, расследование, убийства.*

Keywords: *DNA identification, evidence, method, investigation, murders.*

Высокий уровень преступности в РФ и непосредственно количество тяжких и особо тяжких преступлений вызывает серьезную обеспокоенность. Правоохранительные органы сегодня, как никогда, нуждаются в новейших технических средствах и методиках, способствующих изобличению лиц, виновных в совершении преступлений. Один из таких инструментов, которым должны располагать правоохранительные органы, - система криминалистической «ДНК -идентификации». Сегодня применение образцов ДНК в качестве доказательства по уголовным делам является перспективным для российской науки, в то время как в США, за последние двадцать лет, анализ ДНК изменил всю судебную медицину, и стал доминирующим инструментом в правоприменении и является ключевым средством к изобличению подозреваемых в различных преступлениях от воровства до изнасилования и убийства.

Первым ученым, создавшим метод, с помощью которого можно идентифицировать личность с использованием молекулярной генетики, был английский профессор Алек Джеффрис (Alec Jeffreys). В связи с данным открытием им был введен термин «DNA fingerprint» [1], что означает дословно «ДНК отпечаток», автору такая формулировка показалась наиболее уместной, так как ДНК обладает уникальной способностью отражать индивидуальные особенности объекта исследования, также как и папиллярные узоры отпечатков пальцев свидетельствуют о неповторимости их обладателя.

Джеффрис описал метод, основанный на способности бактериальных ферментов, называемых *ферментами рестрикции, рестрикционными эндонуклеазами* или просто *рестриктазами*, распознавать строго определенные последовательности ДНК и разделять ее по областям распознавания. Джеффрис впервые обнаружил, что длина образующихся фрагментов различается для разных людей, отсюда и принятое название данного метода - *полиморфизм длины фрагментов рестрикции (RFLP, Restriction Fragment Length Polymorphism)*[2]. Внедрение же открытия Джеффриса, совершило революцию в криминалистике и судебной практике.

ДНК - идентификация, или типирование ДНК, установление генетической индивидуальности любого организма на основе анализа особенностей его дезоксирибонуклеиновой кислоты (ДНК). Получаемый при типировании «профиль» ДНК, как и отпечатки пальцев, может использоваться для идентификации личности.

В основе типирования лежат две характеристики ДНК как носителя генетической информации: 1) последовательность составляющих ДНК элементов (нуклеотидов) имеет индивидуальные особенности у каждого отдельного животного или растения, кроме идентичных (однойцовых) близнецов или клонированных организмов; 2) у каждой особи ДНК всех соматических клеток (клеток тела) совершенно одинакова.

Для ДНК-идентификации можно использовать любой биологический материал из живого или мертвого организма, например кровь, семенную жидкость, слюну, корни волос, кожу или же листья либо семена растений. Важно только, чтобы ДНК не была разрушена. На практике при проведении генетического типирования с целью идентификации личности или степени генетического родства (близости или отдаленности) сравнивают профили ДНК из нескольких биологических образцов и оценивают полученный результат, используя вероятностный и статистический анализ.

Процедура типирования состоит из следующих основных этапов: выделение (экстракция) ДНК из биологического материала; «разрезание» полученной ДНК на фрагменты разной длины с помощью специальных ферментов; разделение и выстраивание фрагментов по размерам; гибридизация (связывание) полученных фрагментов ДНК с радиоактивными зондами – цепочками сходной ДНК;

фиксация пространственного распределения фрагментов методом радиоавтографии, т.е. на рентгеновской пленке. Связанные с радиоактивными зондами фрагменты исследуемой ДНК засвечивают рентгеновскую пленку в виде располагающихся друг под другом черных полосок, так что радиоавтограф ДНК внешне напоминает штриховые коды на упаковках товаров в магазинах.

Типирование ДНК находит разнообразное применение: в популяционно-генетических исследованиях для определения происхождения популяций людей, животных или растений; в практике судебной медицины для анализа биологических улик; для определения отцовства или степени родства; для генетического анализа клеток костного мозга при его трансплантации от донора реципиенту; для определения происхождения охотничьих трофеев или мяса в случаях браконьерства; в селекционной работе для уменьшения вероятности инбридинга (близкородственного скрещивания) при разведении вымирающих видов; для подбора генетических маркеров у животных и растений, позволяющих проследить судьбу родительских признаков в поколениях; для разрешения спорных вопросов авторства при патентовании штаммов микроорганизмов и растений; для анализа эволюционного происхождения биологических видов.

В ДНК-идентификации можно выделить два основных типа задач. Остальные являются производными этих двух. Первый тип – это задачи на отождествление, на соответствие ДНК биологических образцов генотипу того или иного лица. Например, имеются подозреваемый и жертва, в наличии следы крови – необходимо установить, соответствует ли кровь убитого следам, найденным на одежде подозреваемого. Вторая группа задач – установление родства по характеристикам ДНК. Эти задачи постоянно приходится решать в гражданских делах по установлению отцовства.

Сбор биологических образцов происходит во время следствия или (например, в случае установления отцовства) по решению суда. Для анализа подходят кровь, сперма, слюна, пот, волосы, костные ткани — любой биоматериал, содержащий хотя бы несколько клеток, из которых можно выделить ДНК. С выделения ДНК и начинается первый этап экспертизы – молекулярно-биологический анализ. Он заключается в определении размера специфических для каждого человека фрагментов ДНК. Только сейчас исследуют не рестрикционные фрагменты, с которыми работал Джеффрис, а фрагменты другого типа: синтетические копии так называемых STR-локусов, полученные методом полимеразной цепной реакции — их размеры тоже различаются у разных людей. STR – аббревиатура английского “short tandem repeats”, что означает “короткие тандемные повторы”. (“Химия и жизнь” уже неоднократно писала о них.) Используют и другие характеристики ДНК, но гораздо реже.

Для исследования годится не любой набор участков ДНК — используемые STR-локусы должны отвечать определенным требованиям, чтобы статистический анализ по ним был информативен. Например, при установлении отцовства бессмысленно использовать два участка, расположенных рядом на хромосоме – как говорят генетики, они тесно сцеплены и почти всегда будут передаваться от отца к ребенку вместе. Так что информация по одному фрагменту даст ответ и о состоянии второго.

Что касается пригодности объектов представляемых для идентификации, то Английские криминалисты уже использовали кровяные пятна четырехлетней давности, а по пятнам двухлетней давности производится уверенное отождествление преступников. Скотланд Ярд генетически регистрирует всех освобождающихся из тюрем, а ФБР ставит вопрос о всеобщей генетической регистрации населения США. В отношении военных и государственных служащих такая работа уже проводится. В память американских компьютеров, действующих на лазерных дисках и обслуживающих органы полиции, заложены электрофореграммы, позволяющие безошибочно отождествить личность по генетическим признакам[3].

Для ДНК-идентификации во всем мире применяют несколько проверенных систем. В США это разработанный ФБР базовый набор для криминалистической идентификации, называемый CODIS. В него входят 13 STR-локусов. Они находятся на разных хромосомах, следовательно, сцепленных среди них нет. При необходимости можно исследовать и другие локусы, не входящие в базовый набор. В Великобритании аналогичная национальная база данных содержит более 5 млн. профилей. В Европе более распространен другой набор, ENFSI. В России применяют как эти системы, так и наши собственные, отечественные. Наборы локусов в разных системах частично перекрываются. ФБР имеет базу данных ДНК около 10 миллионов профилей и ожидает ускорение темпов своего роста. Чиновники ФБР говорят, что они ожидают отставания обработки ДНК — которые теперь выдерживают больше чем в 500 000 случаев — увеличиться[4].

Следующий этап – популяционно-генетический анализ. Если речь идет об уголовном преступлении, то вопросы к экспертизе вначале формулирует следователь. От того, какие выдвинуты версии, в значительной мере зависят стратегии исследования и формулы расчета вероятности, применяемые для статистического анализа.

Важным шагом в усилении максимизировать использование ДНК доказательств, в целях расследования дел об изнасиловании должен стать организованный сбор ДНК от всех лиц, зарегистрированных за уголовное преступления или задержанных властями, так же как сегодня обычно изымаются отпечатки

пальцев. До сих пор, по крайней мере, семь государств адаптировавших своё законодательство, для сбора ДНК от арестованных за уголовные преступления. Однако, существуют значительные опасения о возможности использования неопровержимых ДНК доказательств в корыстных целях заинтересованных лиц, в связи с этим можно предложить организовать институты, исследующие ДНК, как самостоятельные, независимые от исполнительной власти структурные единицы.

Государства, которые устранили их упущения в изучении и использовании ДНК, развернули сбор ДНК материала, и вскоре они смогут использовать ДНК в качестве доказательства по уголовным делам. Как только все государства обратятся к сбору, анализу и накоплению баз ДНК - образцов от всех арестованных лиц за уголовные преступления, предполагается, что степень раскрываемости преступлений увеличится больше чем до 40 % национально. Иными словами, из каждых 10 уголовных дел, в которых изначально отсутствует подозреваемый, но имеются ДНК - образцы, найденные на месте происшествия, по крайней мере, четыре дела будут разрешены, благодаря обращению к базам данных ДНК.

Метод ДНК - анализа является наиболее важным и необходимым при расследовании насильственных преступлений, особенно таких преступлений, как убийства, совершенные по сексуальным мотивам, так биологические следы (выделения, волосы, кровь и т.д.), найденные на месте происшествия и пригодные для идентификации, могли быть изъяты, проанализированы, проверены по имеющимся базам, как следствие становится возможным скорее изобличение преступника. И главное при использовании данного метода имеется реальная возможность избежать совершения виновными повторных преступлений (рецидива), благодаря которым печально известны серийные сексуальные убийства.

С 1 января 2009 года в России вступил в силу Федеральный закон № 242 «О государственной геномной регистрации в РФ» [5], который освещает политику государства направленную на внедрение геномной регистрации на всей территории РФ, отражает правовые аспекты, порядок проведения геномной регистрации, в том числе и круг лиц регистрируемых в добровольном или в обязательном порядке. Однако, с 01 января 2010 по настоящее время, обязательная геномная регистрации была приостановлена [6], в связи с недостаточной подготовленностью внедрения данной системы, в связи с этим предлагаем следующие рекомендации. Метод ДНК анализа будет эффективен только, при создании государственных баз данных ДНК, где содержались бы образцы ДНК всех граждан страны, а так же регистрировались образцы ДНК иностранных граждан, находящиеся на территории РФ, что поможет так же частично урегулировать и поставить под контроль государства миграционные процессы. Иностранцами гражданами и лицами без гражданства на территории Российской Федерации совершено 16,5 тыс. преступлений, что на 1,6% меньше, чем за январь - апрель 2015 года, в том числе гражданами государств-участников СНГ – 14,6 тыс. преступлений (-0,7%), их удельный вес составил 88,1% [7].

Национальные базы ДНК, хранящие информацию об иностранных гражданах, смогли бы передать правоохранительным органам криминалистически значимую информации в расследовании категорий дел различной тяжести и оказать значительную роль в профилактике новых преступлений совершаемых иностранными гражданами и гражданами в т.ч. незаконными мигрантами на территории РФ.

Существенным фактором в расследовании преступлений является возможность оперативно обработать и использовать информацию, полученную на месте происшествия, с этой целью требуется создание полноценных мобильных экспертно-криминалистических лабораторий, способных работать при любых погодных условиях получать образцы для сравнительного анализа (проверке по базам образца ДНК), незамедлительно получать достоверные результаты исследования. При этом процедура передачи информации от мобильной экспертно криминалистической лаборатории, предлагаем осуществлять зашифрованным каналом, по средствам спутникового интернет соединения. Сами же «организации» исследующие ДНК образцы должны представлять собой исследовательские институты, самостоятельные и независимые, по отношению, к исполнительной власти, дабы избежать каких-либо инсинуаций на этот счет, а так же достижение наибольшей объективности результатов исследования. Несмотря на огромные перспективы и возможности использования ДНК анализа, его повсеместное внедрение постоянно откладывается, хотя за более чем двадцать пять лет накоплен огромный международный опыт исследования данной, проблемы, нагнетается атмосфера недоверия к этому превосходному инструменту криминалистики.

Литература

1. *Jeffreys A. J., Wilson V., Thein S. L.* Individual-specific "fingerprints" of human DNA // *Nature*, 1985.
2. *Gill P., Jeffreys A. J., Werrett D. J.* Forensic application of DNA "Fingerprints" // *Nature*, 1985.
3. Криминалистика: Учеб. Изд. 2-е, испр. и доп. / Под ред. д.ю.н., проф. Е.П. Ищенко — М.: «КОНТРАКТ», «ИНФРА-М», 2006 г.
4. DNA Identification Evidence in Criminal Prosecutions. [Электронный ресурс]: Law Library. URL:<http://www.llrx.com/features/dnareliability.htm> (дата обращения: 10.05.2016).

5. Федеральный закон от 03.12.2008 N 242-ФЗ (с изм. от 17.12.2009) "О государственной геномной регистрации в Российской Федерации" [Электронный ресурс]: Консультант.ру - информационно-правовой портал, URL: http://www.consultant.ru/document/cons_doc_LAW_82263/. (дата обращения: 10.05.2016)
6. ФЗ № 313 «О приостановлении действия отдельных положений некоторых законодательных актов Российской Федерации в связи с Федеральным законом «О федеральном бюджете на 2010 год на плановый период 2011 и 2012 годов» (Принят ГД ФС РФ 11.12.2009). [Электронный ресурс]: Гарант.ру информационно-правовой портал. URL:<http://base.garant.ru/12171670/>. (дата обращения: 10.05.2016)
7. Официальная статистика по данным МВД РФ за 2016г. [Электронный ресурс]: официальный сайт МВД РФ URL: <https://mvd.ru/folder/101762/item/7755683/>. (дата обращения: 10.05.2016).
8. *Ryskov A., Jincharadze A., Ivanov P. et al.* M13 phage DNA as a universal marker for DNA fingerprinting of animals, plants and microorganisms // FEBS Lett. 1988.
9. *Wallace D. C., Brown M. D., Lott M. T.* Mitochondrial DNA variation in human evolution and disease // Gene, 1999.
10. *Jehaes E., Pfeiffer H., Toprak K. et al.* Mitochondrial DNA analysis of the putative heart of Louis XVII, son of Louis XVI and Marie-Antoinette // Eur. J. Hum. Genet, 2001. V. 9. P. 185-190.
11. *Krings M., Stone A., Schmitz R. W. et al.* Neandertal DNA sequences and the origin of modern humans // Cell., 1997. V. 90. P. 19-30.
12. *Anslinger K., Weichhold G., Keil W. et al.* Identification of the skeletal remains of Martin Bormann by mtDNA analysis // Int. J. Legal. Med, 2001. V. 114. P. 194-196.