

Микросателлиты, расположенные на Y хромосоме человека

Хромосомная локализация: Yp11.2 – Yq11.223



По данным *BLAT* (<http://genome.ucsc.edu/cgi-bin/hgBlat>; Kent, 2002), версия Feb.2009 (GRCh37/hg19).

Тандемные повторы: 3-5 нуклеотидов, преимущественно простые.

Общие сведения и диагностическая значимость

Хромосома Y присутствует только в ядрах мужских клеток человека, в норме – в количестве одной хромосомы на одну клетку. В целом, хромосома Y человека является весьма небольшой по размеру: около 59 миллионов пар оснований (59 Mb). Y хромосома практически не рекомбинирует в мейозе: с теперь уже бывшей парной хромосомой X рекомбинируют лишь небольшие концевые участки хромосомы Y (около 5% от общей длины). Поэтому Y хромосома передается из поколения в поколение по мужской линии (*патрилинейно*, от отца к сыну, к внуку и т.д.) практически в неизменном виде. Эти особенности наследования хромосомы Y обосновывают актуальность исследования находящихся на этой хромосоме полиморфных маркеров как для идентификации личности (расследование половых преступлений), так и для установления патрилинейного родства.

Применительно к задачам по установлению родства, результаты исследования интерпретируются в соответствии с тем, что все исследованные маркеры, расположенные на Y хромосоме, являются сцепленными и формируют весьма уникальный *гаплотип*. Патрилинейные родственники, унаследовавшие Y хромосому от общего предка по отцовской линии, будут иметь идентичные гаплотипы. Если гаплотипы предполагаемых патрилинейных родственников существенно различаются, то делается вывод об исключении родства по отцовской линии.

Результаты такого исследования логически неопровержимы лишь в случаях исключения патрилинейного родства. В случаях *не исключения*, поскольку гаплотип по маркерам Y хромосомы не является абсолютно уникальным для отдельной «мужской» родственной группы, информативность полученных результатов оценивается средствами теории вероятности и математической статистики на основании данных о встречаемости гаплотипов в различных популяциях. Для оценки частоты встречаемости выявленного гаплотипа в различных популяциях человека используются различные базы данных, доступные в сети Интернет.

Полиморфных микросателлитных локусов на Y хромосоме насчитывается весьма значительное количество, более восьмисот. Компромисс сегодняшнего дня для целей идентификации личности и установления родства таков: исследовать относительно небольшое количество локусов (до 30), в рамках существующих международных стандартов.

Один набор *Y-ТАПОТИЛИ* рассчитан на проведение 100 реакций с последующим анализом по одному (любому) из полиморфных локусов Y хромосомы человека, перечисленных в таблице на следующей странице. Наборы предназначены для определения количества тандемных повторов в каждом таком локусе посредством метода *полимеразной цепной реакции (ПЦР)*.

Первоначально проводится амплификация геномной ДНК в монолокусном формате со специфическими праймерами на каждый из локусов. Затем продукты ПЦР разделяют в неденатурирующих полиакриламидных гелях (ПАГ) и сопоставляют с соответствующими аллельными «лестницами».

Панель полиморфных микросателлитных локусов Y хромосомы генома человека

Локус	Хромосомная локализация (*)	Длина повторяющейся единицы, п.н.	Число аллелей (**)	Диапазон длин амплифицируемых аллелей, п.н.
<i>DYS390</i>	Yq11.221 (17,275 Mb)	4	13 (17-29)	143 – 191
<i>DYS391</i>	Yq11.21 (14,103 Mb)	4	12 (5-16)	83 – 127
<i>DYS392</i>	Yq11.223 (22,634 Mb)	3	17 (4-20)	86 – 134
<i>DYS393</i>	Yp11.2 (3,131 Mb)	4	12 (7-18)	99 – 143
<i>DYS438</i>	Yq11.21 (14,938 Mb)	5	11 (6-16)	133 – 183
<i>DYS439</i>	Yq11.21 (14,515 Mb)	4	12 (6-17)	104 – 148
<i>DYS456</i>	Yp11.2 (4,271 Mb)	4	13 (11-23)	86 – 134
<i>DYS458</i>	Yp11.2 (7,868 Mb)	4	19 (10-24)	99 – 155
<i>Y-GATA-H4</i>	Yq11.221 (18,744 Mb)	4	11 (8-18)	121 – 161

(*) по данным BLAT (<http://genome.ucsc.edu/cgi-bin/hgBlat>; Kent, 2002), версия Feb.2009 (GRCh37/hg19).

(**) по результатам анализа различных литературных данных, включая редкие и «промежуточные» аллели.

Локусы *DYS390*, *DYS391*, *DYS392*, *DYS393* входят в состав «минимального европейского гаплотипа», *European minimal haplotype*. Эти же четыре локуса, а также локусы *DYS438* и *DYS439* входят в состав «минимального американского гаплотипа», рекомендованного *Scientific Working Group-DNA Analysis Methods (SWGDM)*.

Дополнительно, локус *DYS391* в 2012 году был включён в состав ряда коммерческих мультиплексных наборов для генотипирования человека по аутосомным локусам – ради подтверждения корректности результатов установления половой принадлежности по локусу *Амелогенин*.

Референтные нуклеотидные последовательности и число повторов для полиморфных микросателлитных локусов Y хромосомы генома человека

Локус	Доступ к GenBank	Число тандемных повторов в референтной последовательности	Размер амплифицируемого фрагмента, п.н. (*)
	<i>NT_011896.9 Homo sapiens chromosome Y genomic contig, GRCh37.p13 primary assembly (Yp11), регион PAR3 имеет эту же локализацию)</i>		
<i>DYS393</i>	NT_011896.9	12 повторов [AGAT] ₁₂	119
<i>DYS456</i>	NT_011896.9	15 повторов [AGAT] ₁₅	102
<i>DYS458</i>	NT_011896.9	16 повторов [GAAA] ₁₆	123
	<i>NT_011875.12 Homo sapiens chromosome Y genomic contig, GRCh37 reference primary assembly (Yq11)</i>		
<i>DYS390</i>	NT_011875.12	24 повтора: [TCTG] ₈ [TCTA] ₁₁ [TCTG] ₁ [TCTA] ₄	171
<i>DYS391</i>	NT_011875.12	11 повторов [TCTA] ₁₁	107
<i>DYS392</i>	NT_011875.12	13 повторов [ATA] ₁₃ или [TAT] ₁₃	113
<i>DYS438</i>	NT_011875.12	10 повторов [TTTTTC] ₁₀	153
<i>DYS439</i>	NT_011875.12	13 повторов [GATA] ₁₃ или [AGAT] ₁₃	132
<i>Y-GATA-H4</i>	NT_011875.12	12 повторов [TCTA] ₁₂ или [TAGA] ₁₂	137

(*) для используемых в наборах пар праймеров.

Референтные генотипы различных контрольных ДНК для микросателлитных локусов Y хромосомы человека

Локус	ДНК 007 (*)	ДНК 2800М (*)	ДНК 9948 (*)	ДНК CCR 3657 (*)	ДНК CO (**)
DYS390	24	24	24	24	23
DYS391	11	10	10	10	11
DYS392	13	13	13	11	15
DYS393	13	13	13	13	14
DYS438	12	9	11	10	10
DYS439	12	12	12	12	10
DYS456	15	17	17		14
DYS458	17	17	18		17
Y-GATA-H4	13	11	12		12

(*) Контрольные ДНК, используемые в коммерческих наборах производства *Applied Biosystems*, *Promega Corporation*, *Qiagen* (США, Германия).

(**) Контрольная ДНК, используемая в наборах ТАПОТИЛИ. Выделена из жидкой крови, полученной от анонимного донора. Референтный гаплотип дополнительно подтвержден с использованием набора «*AmpFlSTR® Yfiler™ PCR Amplification Kit*» (производства *Applied Biosystems*, США).

Средняя частота мутаций для микросателлитных локусов Y хромосомы человека

Локус	Частота мутаций (*)
DYS392	0,0006
DYS438	0,0006
DYS393	0,0010
DYS390	0,0022
DYS391	0,0026
Y-GATA-H4	0,0031
DYS456	0,0044
DYS439	0,0056
DYS458	0,0071

(*) локусы перечислены в порядке возрастания частоты мутаций; использованы различные литературные данные. Первоисточник: *Goedbloed et al., 2009*.

Условия ПЦР

Для всех полиморфных микросателлитных локусов, расположенных на Y хромосоме человека, может быть использована общая программа ПЦР:

Первая денатурация	30 или 35 циклов (*)	Последний синтез цепи
	94°C, 20 сек	
96°C, 2 мин	58°C, 20 сек	72°C, 5 мин
	72°C, 20 сек	

(*) **Внимание!**

Количество анализируемой ДНК должно быть не менее **5,0 нг** на 25 мкл реакционной смеси. При использовании меньшего стартового количества ДНК производитель не гарантирует адекватную наработку специфических продуктов реакции при 30 циклах ПЦР. При работе с низкими количествами стартовой ДНК (<5 нг) число циклов следует увеличить до **35**.

Регистрация результатов

Для идентификации аллелей в ПАГ по каждому полиморфному микросателлитному локусу Y хромосомы используются соответствующие аллельные «лестницы», включающие различное число аллелей. Эти аллели, входящие в состав соответствующих аллельных «лестниц», выделены **цветом** в таблицах для отдельных локусов.

Нумерация аллелей международная и отражает число содержащихся в них тандемных повторов. Эта нумерация полностью соответствует обозначениям аллелей, используемым в наборах реагентов *AmpFISTR Yfiler PCR Amplification Kit* и *PowerPlex® Y23 System* (производства *Applied Biosystems* и *Promega Corporation*, США).

Структура тандемных повторов для каждого из локусов в соответствующих таблицах указана по различным литературным данным. Преимущественно использованы данные, представленные на *STRBase*.

В связи с усовершенствованием наборов составы аллельных «лестниц» могут изменяться. Смотрите соответствующие разделы для каждого из локусов.

DYS390

Аллели	Размеры аллелей, п.н.	Структура тандемных повторов	Частоты аллелей (*)
18	147		0,00005
19	151		0,00005
20	155		0,00234
21	159	[TCTG] ₈ [TCTA] ₅ ACTA[TCTA] ₂ [TCTG] ₁ [TCTA] ₄	0,06072
21.1	160		0,00005
22	163	[TCTG] ₈ [TCTA] ₉ [TCTG] ₁ [TCTA] ₄	0,12466
23	167	[TCTG] ₈ [TCTA] ₁₀ [TCTG] ₁ [TCTA] ₄	0,27407
24	171	[TCTG] ₈ [TCTA] ₁₁ [TCTG] ₁ [TCTA] ₄	0,36989
24.1	172		0,00005
24.3	174		0,00046
25	175	[TCTG] ₈ [TCTA] ₁₂ [TCTG] ₁ [TCTA] ₄	0,14906
26	179		0,01727
27	183	[TCTG] ₈ [TCTA] ₁₄ [TCTG] ₁ [TCTA] ₄	0,00117
21, 22 (дубликация)	159, 163		0,00005
22, 23 (дубликация)	163, 167		0,00010

(*) по данным *Purps et al., 2014*; популяционная выборка включала **19 630** неродственных мужчин из общемировой популяции.

Актуальная версия аллельной «лестницы» на локус *DYS390* включает **пять аллелей: 22, 23, 24, 25, 26**. Эти аллели выделены **цветом** в таблице выше. Шаг между отдельными аллелями в аллельной «лестнице» составляет 4 п.н.

DYS391

Аллели	Размеры аллелей, п.н.	Структура тандемных повторов	Частоты аллелей (*)
6	87	[TCTA] ₆	0,00036
7	91	[TCTA] ₇	0,00020
8	95	[TCTA] ₈	0,00127
9	99	[TCTA] ₉	0,03423
10	103	[TCTA] ₁₀	0,59531
11	107	[TCTA] ₁₁	0,35125
12	111	[TCTA] ₁₂	0,01610
13	115	[TCTA] ₁₃	0,00117
14	119	[TCTA] ₁₄	0,00005
10, 11 (дупликация)	103, 107		0,00005

(*) по данным *Purps et al., 2014*; популяционная выборка включала **19 630** неродственных мужчин из общемировой популяции.

Актуальная версия аллельной «лестницы» на локус *DYS391* включает **четыре аллеля: 9, 10, 11, 12**. Эти аллели выделены **цветом** в таблице выше. Шаг между отдельными аллелями в аллельной «лестнице» составляет 4 п.н.

DYS392

Аллели	Размеры аллелей, п.н.	Структура тандемных повторов
6	92	[TAT] ₆
7	95	[TAT] ₇
8	98	[TAT] ₈
9	101	
10	104	[TAT] ₁₀
11	107	[TAT] ₁₁
12	110	[TAT] ₁₂
13	113	[TAT] ₁₃
14	116	[TAT] ₁₄
15	119	[TAT] ₁₅
16	122	[TAT] ₁₆
17	125	[TAT] ₁₇
18	128	
19	131	
20	134	

Актуальная версия аллельной «лестницы» на локус *DYS392* включает **пять аллелей: 11, 12, 13, 14, 15**. Эти аллели выделены **цветом** в таблице выше. Шаг между отдельными аллелями в аллельной «лестнице» составляет **3 п.н.**

DYS393

Аллели	Размеры аллелей, п.н.	Структура тандемных повторов
7	99	
8	103	
9	107	[AGAT] ₉
10	111	[AGAT] ₁₀
11	115	[AGAT] ₁₁
12	119	[AGAT] ₁₂
13	123	[AGAT] ₁₃
14	127	[AGAT] ₁₄
15	131	[AGAT] ₁₅
16	135	[AGAT] ₁₆
17	139	[AGAT] ₁₇
18	143	

Актуальная версия аллельной «лестницы» на локус *DYS393* включает **четыре аллеля: 12, 13, 14, 15**. Эти аллели выделены **цветом** в таблице выше. Шаг между отдельными аллелями в аллельной «лестнице» составляет 4 п.н.

DYS438

Аллели	Размеры аллелей, п.н.	Структура тандемных повторов
6	133	[TTTC] ₆
7	138	[TTTC] ₇
8	143	[TTTC] ₈
9	148	[TTTC] ₉
10	153	[TTTC] ₁₀
11	158	[TTTC] ₁₁
12	163	[TTTC] ₁₂
13	168	[TTTC] ₁₃
14	173	[TTTC] ₁₄
15	178	
16	183	

Актуальная версия аллельной «лестницы» на локус *DYS438* включает **четыре аллеля: 9, 10, 11, 12**. Эти аллели выделены **цветом** в таблице выше. Шаг между отдельными аллелями в аллельной «лестнице» составляет **5 п.н.**

DYS439

Аллели (*)	Размеры аллелей, п.н.	Структура tandemных повторов
6	104	
7	108	
8	112	
9	116	[GATA] ₂ taca [GATA] ₃ N ₁₄ [GATA] gat [GATA] aatagaa [GATA] ₉
10	120	[GATA] ₂ taca [GATA] ₃ N ₁₄ [GATA] gat [GATA] aatagaa [GATA] ₁₀
11	124	[GATA] ₂ taca [GATA] ₃ N ₁₄ [GATA] gat [GATA] aatagaa [GATA] ₁₁
12	128	[GATA] ₂ taca [GATA] ₃ N ₁₄ [GATA] gat [GATA] aatagaa [GATA] ₁₂
13 (20 или 22)	132	[GATA] ₂ taca [GATA] ₃ N ₁₄ [GATA] gat [GATA] aatagaa [GATA] ₁₃
14	136	[GATA] ₂ taca [GATA] ₃ N ₁₄ [GATA] gat [GATA] aatagaa [GATA] ₁₄
15	140	
16	144	
17	148	

(*) В различных литературных источниках и базах данных в разное время была использована разная номенклатура аллелей. Из структуры tandemных повторов видно, почему аллель №13 разными авторами обозначался и как №20 (+7 мономорфных повторов [GATA]), и даже как №22.

В настоящее время повсеместно используется обозначение аллелей по числу tandemных повторов именно в 3'-участке (номенклатура №№6-17). То есть победу в нумерации аллелей одержали *Ayub et al., 2000*.

Актуальная версия аллельной «лестницы» на локус *DYS439* включает **пять аллелей: 10, 11, 12, 13, 14**. Эти аллели выделены **цветом** в таблице выше. Шаг между отдельными аллелями в аллельной «лестнице» составляет 4 п.н.

DYS456

Аллели	Размеры аллелей, п.н.	Структура tandemных повторов
11	86	
12	90	[AGAT] ₁₂
13	94	[AGAT] ₁₃
14	98	[AGAT] ₁₄
15	102	[AGAT] ₁₅
16	106	[AGAT] ₁₆
17	110	[AGAT] ₁₇
18	114	[AGAT] ₁₈
19	118	
20	122	
21	126	
22	130	
23	134	

Актуальная версия аллельной «лестницы» на локус *DYS456* включает **шесть аллелей: 13, 14, 15, 16, 17, 18**. Эти аллели выделены **цветом** в таблице выше. Шаг между отдельными аллелями в аллельной «лестнице» составляет 4 п.н.

DYS458

Аллели	Размеры аллелей, п.н.	Структура тандемных повторов
10	99	
11	103	
12	107	
13	111	[GAAA] ₁₃
14	115	[GAAA] ₁₄
15	119	[GAAA] ₁₅
16	123	[GAAA] ₁₆
16.2	125	
17	127	[GAAA] ₁₇
17.2	129	
18	131	[GAAA] ₁₈
18.2	133	
19	135	[GAAA] ₁₉
19.2	137	
20	139	[GAAA] ₂₀
21	143	
22	147	
23	151	
24	155	

Актуальная версия аллельной «лестницы» на локус *DYS458* включает **семь аллелей: 12, 14, 15, 16, 17, 18, 20**. Эти аллели выделены **цветом** в таблице выше. Шаг между отдельными аллелями в аллельной «лестнице» составляет 4 п.н.

Y-GATA-H4

Аллели (*)	Размеры аллелей, п.н.	Структура тандемных повторов
8 (25)	121	[TAGA] ₈ N ₁₂ [gatc] ₂ aa [taga] ₄
9 (26)	125	[TAGA] ₉ N ₁₂ [gatc] ₂ aa [taga] ₄
10 (27)	129	[TAGA] ₁₀ N ₁₂ [gatc] ₂ aa [taga] ₄
11 (28)	133	[TAGA] ₁₁ N ₁₂ [gatc] ₂ aa [taga] ₄
12 (29)	137	[TAGA] ₁₂ N ₁₂ [gatc] ₂ aa [taga] ₄
13 (30)	141	[TAGA] ₁₃ N ₁₂ [gatc] ₂ aa [taga] ₄
14	145	
15	149	
16	153	
17	157	
18	161	

(*) В различных литературных источниках и базах данных в разное время была использована разная номенклатура аллелей. В настоящее время практически повсеместно используется обозначение аллелей по числу тандемных повторов именно в 5'-участке (номенклатура №№8-18).

Актуальная версия аллельной «лестницы» на локус *Y-GATA-H4* включает **четыре аллеля: 9, 11, 12, 13**. Эти аллели выделены **цветом** в таблице выше. Шаг между отдельными аллелями в аллельной «лестнице» составляет 4 п.н.

Ссылки

- Ayub Q., Mohyuddin A., Qamar R., Mazhar K., Zerjal T., Mehdi S.Q., Tyler-Smith C. (2000) Identification and characterisation of novel human Y-chromosomal microsatellites from sequence database information. – *Nucleic Acids Res.*, 28 (2), e8. PMID: [10606676](#).
- Burgarella C., Navascués M. (2011) Mutation rate estimates for 110 Y-chromosome STRs combining population and father-son pair data. – *Eur. J. Hum. Genet.*, 19 (1), 70-75. PMID: [20823913](#).
- Butler J.M., Schoske R., Vallone P.M., Kline M.C., Redd A.J., Hammer M.F. (2002) A novel multiplex for simultaneous amplification of 20 Y-chromosome STR markers. – *Forensic Sci. Int.*, 129 (1), 10-24. PMID: [12230993](#).
- Gill P., Brenner C., Brinkmann B., Budowle B., Carracedo A., Jobling M.A., de Knijff P., Kayser M., Krawczak M., Mayr W.R., Morling N., Olaisen B., Pascali V., Prinz M., Roewer L., Schneider P.M., Sajantila A., Tyler-Smith C. (2001) DNA Commission of the International Society of Forensic Genetics: recommendations for forensic analysis using Y-chromosome STRs. – *Forensic Sci. Int.*, 124 (1), 5-10. Review. PMID: [11741752](#).
- Gill P., Brenner C., Brinkmann B., Budowle B., Carracedo A., Jobling M.A., de Knijff P., Kayser M., Krawczak M., Mayr W.R., Morling N., Olaisen B., Pascali V., Prinz M., Roewer L., Schneider P.M., Sajantila A., Tyler-Smith C. (2001) DNA commission of the International Society of Forensic Genetics: recommendations on forensic analysis using Y-chromosome STRs. – *Int. J. Legal Med.*, 114 (6), 305-309. Review. PMID: [11508794](#).
- Goedbloed M., Vermeulen M., Fang R.N., Lembring M., Wollstein A., Ballantyne K., Lao O., Brauer S., Krüger C., Roewer L., Lessig R., Ploski R., Dobosz T., Henke L., Henke J., Furtado M.R., Kayser M. (2009) Comprehensive mutation analysis of 17 Y-chromosomal short tandem repeat polymorphisms included in the AmpFISTR Yfiler PCR amplification kit. – *Int. J. Legal Med.*, 123 (6), 471-482. PMID: [19322579](#).
- Gonzalez-Neira A., Elmoznino M., Lareu M.V., Sanchez-Diz P., Gusmao L., Prinz M., Carracedo A. (2001) Sequence structure of 12 novel Y chromosome microsatellites and PCR amplification strategies. – *Forensic Sci. Int.*, 122 (1), 19-26. PMID: [11587861](#).
- Gusmao L., Butler J.M., Carracedo A., Gill P., Kayser M., Mayr W.R., Morling N., Prinz M., Roewer L., Tyler-Smith C., Schneider P.M. (2006) International Society of Forensic Genetics. DNA Commission of the International Society of Forensic Genetics (ISFG): an update of the recommendations on the use of Y-STRs in forensic analysis. – *Int. J. Legal Med.*, 120 (4), 191-200. Review. PMID: [16998969](#).
- Gusmao L., Butler J.M., Carracedo A., Gill P., Kayser M., Mayr W.R., Morling N., Prinz M., Roewer L., Tyler-Smith C., Schneider P.M. (2006) DNA Commission of the International Society of Forensic Genetics. DNA Commission of the International Society of Forensic Genetics (ISFG): an update of the recommendations on the use of Y-STRs in forensic analysis. – *Forensic Sci. Int.*, 157 (2-3), 187-197. Review. PMID: [15913936](#).
- Kayser M., Sajantila A. (2001) Mutations at Y-STR loci: implications for paternity testing and forensic analysis. – *Forensic Sci. Int.*, 118 (2-3), 116-121. PMID: [11311822](#).
- Kent W.J. (2002) BLAT – the BLAST-like alignment tool. – *Genome Res.*, 12 (4), 656-664. PMID: 11932250.
- Purps J, Siegert S, Willuweit S, Nagy M, Alves C, Salazar R, Angustia SM, Santos LH, Anslinger K, Bayer B, Ayub Q, Wei W, Xue Y, Tyler-Smith C, Bafalluy MB, Martínez-Jarreta B, Egyed B, Balitzki B, Tschumi S, Ballard D, Court DS, Barrantes X, Bäßler G, Wiest T, Berger B, Niederstätter H, Parson W, Davis C, Budowle B, Burri H, Borer U, Koller C, Carvalho EF, Domingues PM, Chamoun WT, Coble MD, Hill CR, Corach D, Caputo M, D'Amato ME, Davison S, Decorte R, Larmuseau MH, Ottoni C, Rickards O, Lu D, Jiang C, Dobosz T, Jonkisz A, Frank WE, Furac I, Gehrig C, Castella V, Grskovic B, Haas C, Wobst J, Hadzic G, Drobnic K, Honda K, Hou Y, Zhou D, Li Y, Hu S, Chen S, Immel UD, Lessig R, Jakovski Z, Ilievska T, Klann AE, García CC, de Knijff P, Kraaijenbrink T, Kondili A, Miniati P, Vouropoulou M, Kovacevic L, Marjanovic D, Lindner I, Mansour I, Al-Azem M, Andari AE, Marino M, Furfuro S, Locarno L, Martín P, Luque GM, Alonso A, Miranda LS, Moreira H, Mizuno N, Iwashima Y, Neto RS, Nogueira TL, Silva R, Nastainczyk-Wulf M, Edelmann J, Kohl M, Nie S, Wang X, Cheng B, Núñez C, Pancorbo MM, Olofsson JK, Morling N, Onofri V, Tagliabracci A, Pamjav H, Volgyi A, Barany G, Pawlowski R, Maciejewska A, Pelotti S, Pepinski W, Abreu-Glowacka M, Phillips C, Cárdenas J, Rey-Gonzalez D, Salas A, Brisighelli F, Capelli C, Toscanini U, Piccinini A, Piglionica M, Baldassarra SL, Ploski R, Konarzewska M, Jastrzebska E, Robino C, Sajantila A, Palo JU, Guevara E, Salvador J, Ungria MC, Rodriguez JJ, Schmidt U, Schlauderer N, Saukko P, Schneider PM, Sirker M, Shin KJ, Oh YN, Skitsa I, Ampati A, Smith TG, Calvit LS, Stenzl V, Capal T, Tillmar A, Nilsson H, Turrina S, De Leo D, Verzeletti A, Cortellini V, Wetton JH, Gwynne GM, Jobling MA, Whittle MR, Sumita DR, Wolańska-Nowak P, Yong RY, Krawczak M, Nothnagel M, Roewer L. (2014) A global analysis of Y-chromosomal haplotype diversity for 23 STR loci. – *Forensic Sci. Int. Genet.*, 12 (100), 12-23. PMID: [24854874](#).
- STRBase: https://strbase.nist.gov/y_strs.htm.

-
- Y-STR Reference Databases (list): <https://www.thermofisher.com/ru/ru/home/industrial/forensics/human-identification/forensic-dna-analysis/pcr-amplification-forensic-dna-profiling/y-str-analysis/y-str-reference-databases.html>.
 - Y Chromosome Haplotype Reference Database (YHRD): <https://yhrd.org/>.

Дополнительная информация

- Наборы *ТАПОТИЛИ* предназначены для исследовательских работ *in vitro* (то есть в пробирке, вне живого организма).
- Наборы не подлежат обязательной сертификации и декларированию соответствия в Системе сертификации ГОСТ Р.
- Коды продукции [ОКПД2](#) (ОК 034-2014, КПЕС 2008): **20.59.52.190** (Реагенты сложные диагностические или лабораторные, не включенные в другие группировки), **20.59.52.199** (Реагенты сложные диагностические или лабораторные прочие, не включенные в другие группировки).
- Наборы *ТАПОТИЛИ* не являются изделием медицинского назначения, не предназначены для использования в целях медицинской диагностики, для диагностических процедур, для профилактики и лечения заболеваний. По этим причинам наборы *ТАПОТИЛИ* не подлежат государственной регистрации на территории РФ (в том числе в Росздравнадзоре) в качестве медицинского изделия.
- Молекулярно-генетические исследования (МГИ) по установлению генотипов отдельных лиц, в том числе по идентификации личности и установлению спорного родства методом анализа полиморфных локусов генома человека не являются медицинской деятельностью: устанавливаются именно биологические факты (генотипы обследуемых лиц).
- Результаты МГИ мы рекомендуем оформлять в виде Заключения специалиста, отчёта о НИР и аналогичных документов, не являющихся медицинскими документами.
- Интерпретация медицинской значимости полученных данных и принятие клинического решения относится к компетенции врача.
- The *Tapotili* Kit is intended for molecular biology applications, including forensic or paternity usage. This product is not intended for the diagnosis, prevention, or treatment of a disease.