

**МФТИ (ГУ)
ФРТК
Кафедра радиотехники**

**Генетическая идентификация
(Genetic fingerprinting)**

**Антон Урусов (uran.mipt@mail.ru)
группа 312**

**Москва
май 2007**

Содержание:

Генетическая идентификация.....	1
(Genetic fingerprinting)	1
Содержание:.....	2
1. Обзор биометрических методов идентификации	3
1.1. Статические методы	3
1.2. Динамические методы	3
2. Генетическая идентификация.....	4
2.1. Общая информация.....	4
2.2. Контрольные образцы.....	5
2.3. Методы генетической идентификации	5
2.3.1. RFLP анализ	5
2.3.2. PCR анализ.....	6
2.3.3. AmpFLP анализ	7
2.3.4. STR анализ	7
2.3.5. Другие методы.....	7
2.4. Надежность ДНК-идентификации	8
2.5. Исторические факты	8
3. Заключение	9
4. Литература	10

1. Обзор биометрических методов идентификации

Появление биометрических систем аутентификации (установления подлинности) и контроля доступа стало закономерным шагом в развитии систем защиты информации. Действительно, такие методы обладают рядом неоспоримых преимуществ. Биометрические параметры человека обладают, в большой степени, уникальностью. Их невозможно потерять или забыть. Не возникает проблемы поддержания секретности пароля. Атаки на такие системы крайне сложны, или, в настоящее время, вообще невозможны. Так, например, если создание восковой копии пальца, содержащей рисунок, еще осуществимо, то к проблеме «подделки» ДНК сегодня не подступиться.

Среди биометрических систем аутентификации разделяют статические и динамические.

1.1. Статические методы

- по отпечатку пальца. На сегодняшний день, наиболее распространенная технология. Она основана на уникальности рисунка узоров человеческого пальца.
- по форме ладони. Строится трехмерное изображение кисти руки, и измеряются геометрические параметры. Их комплекс является уникальным.
- по сетчатке глаза. Рисунок сосудов сетчатки глаза уникален для каждого человек. Для его считывания, глазное дно сканируется при помощи специальной камеры.
- по радужной оболочке. Рисунок радужной оболочки тоже не повторяется среди разных людей. Причем, его считывание можно произвести довольно простой камерой.
- по ДНК. ДНК каждого человека уникален (за исключением однояйцовых близнецов). К недостаткам следует отнести сложность и длительность анализа.

1.2. Динамические методы

- по голосу. Собирается информация о частотных и статистических особенностях голоса. Она используется как идентификационный код.
- по рукописному почерку. Сравнивается как сама роспись, так и динамические характеристики при её написании, а так же, возможно, нажим на поверхность.
- по клавиатурному почерку. Исследуются динамические характеристики при наборе кодовой фразы или предложения.

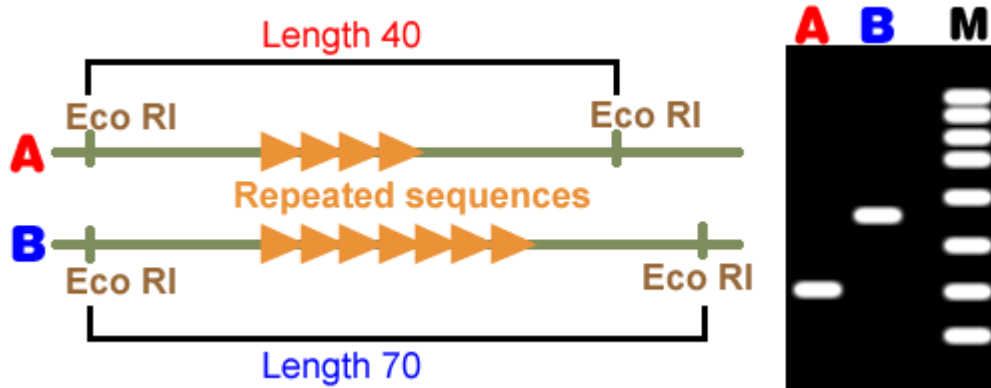
Динамические методы обладают тем недостатком, что ключевые параметры меняются с течением времени и зависят от психо-эмоционального состояния человека.

2. Генетическая идентификация

2.1. Общая информация

Генетическое распознавание, тестирование ДНК, распознавание и профилирование ДНК (genetic fingerprinting, DNA testing, DNA typing and DNA profiling) являются методами, используемыми для идентификации индивидов одного вида используя только образцы их ДНК. Это изобретение было опубликовано сэром Алеком Джеффрисом (Sir Alec Jeffreys) из Университета Лейсестер (University of Leicester) в 1985 году.

Известно, что ДНК любых двух людей почти не отличаются, преобладающее большинство цепочек в них одинаково. Генетическое распознавание использует тот факт, что существуют сильно отличающиеся повторяющиеся цепочки, называемые минисателлитными ДНК. Число минисателлитных ДНК в локусе (одинаковых участках) у двух людей, не являющихся родственниками, с большой вероятностью различно. За исключением однойцовых близнецов, генетические профили которых в точности одинаковы, вероятность ошибки, вызванной совпадением, крайне мала.



Генетическое распознавание применяется в судебной науке для сличения подозреваемых по образцам крови, волос, слюны или спермы. Были случаи, когда это привело к реабилитации первоначально осужденных подозреваемых. Эта техника также находит применение в идентификации человеческих останков, тестах на отцовство, подборе органов для трансплантации, изучении популяции диких животных, и определении состава и компонентов еды. Генетическое распознавание так же позволило более детально изучить первоначальное расселение людей.

В некоторых странах организуются базы данных, содержащих информацию о ДНК осужденных. Так же организуются каталоги, участие в которых добровольное. Наиболее обширная база данных «Национальная база данных ДНК» (The national DNA Database – NDNAD) создана в Великобритании. По состоянию на 2005 год она содержала более 2х миллионов записей. Размер этой базы, а так же скорость роста, дают основания для беспокойства о возможном нарушении прав человека: ведь полиция имеет очень широкие возможности собирать и хранить образцы, даже в случае оправдания подозреваемого.

2.2. Контрольные образцы

Для того, что бы провести генетическую идентификацию необходимо произвести извлечение ДНК из контрольных образцов. Ими могут служить:

- личные вещи (зубные щетки, бритвы и т.д.)
- банки образцов (крови, спермы, тканей)
- биологические родственники
- уже идентифицированные человеческие останки

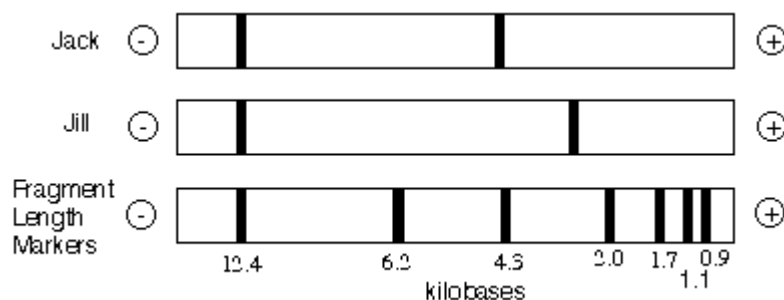
2.3. Методы генетической идентификации

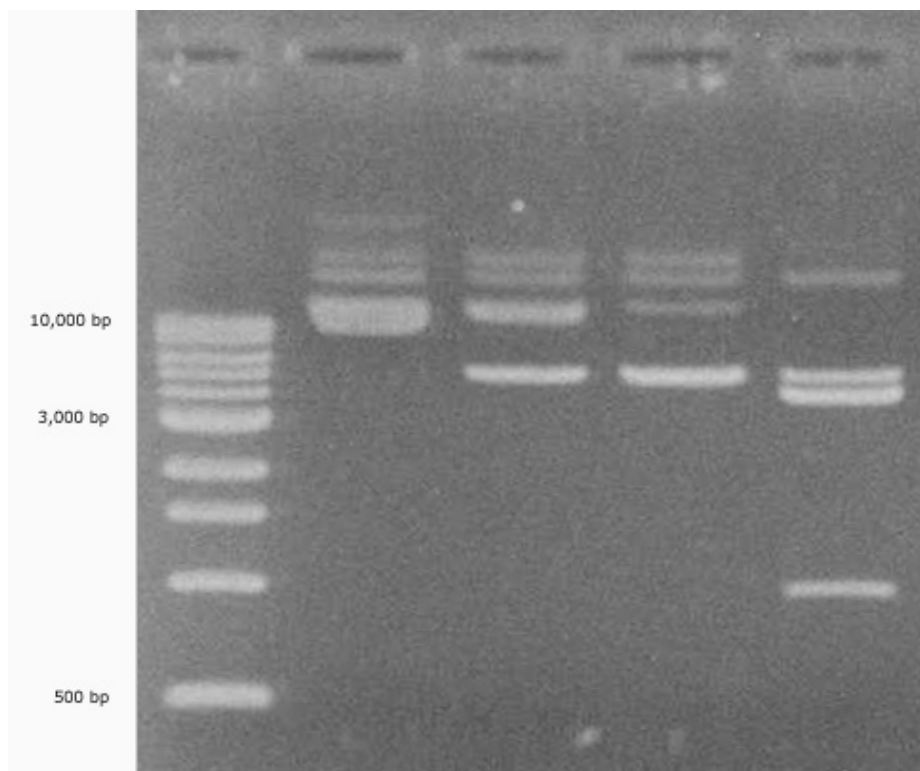
Генетическое распознавание начинается с выделения ДНК из клеток в образцах крови, слюны, спермы или других подходящих жидкостях или тканях. В основе современных техник, при всем их разнообразии, лежит одна идея. В молекулах ДНК стараются обнаружить, а затем извлечь фрагменты, отличающиеся у разных людей - полиморфизмы. Часто для этого используют специально подобранный фермент.

Развитие техники генетического распознавания состоит в поиске новых полиморфизмов и способов их идентификации. Рассмотрим наиболее распространенные методы генного анализа.

2.3.1. RFLP анализ

Первым из методов, который стал применяться в генетической идентификации, является RFLP анализ (полиморфизм длин рестриционных фрагментов), хотя в последствие он был почти полностью вытеснен современными техниками. В ходе RFLP анализа исходную ДНК разделяют на фрагменты при помощи специального рестриционного (ограничивающего) фермента. Далее эти фрагменты разделяют в полосы, проводя электрофорез в геле. Затем полосы ДНК перемещают из геля на нейлоновую мембрану. Мембрану обрабатывают радиоактивным ДНК образцом, который связывается с определенной ДНК последовательностью на мембране. Излишки радиоактивного образца смывают. Рентгеночувствительная пленка, которую помещают рядом с нейлоновой мембраной, выявляет радиоактивные образцы. После проявления пленки получают видимые следы полос, называемые ДНК отпечатком. Используя несколько радиоактивных образцов, предназначенных для обнаружения различных полиморфизмов, можно добиться высокой степени различения.





Основной недостаток RFLP анализа в том, что нельзя заранее определить точные размеры полос, а значит и молекулярный вес фрагментов – он определяется качественно, а не количественно. Так же этот метод требует очень много времени на анализ и относительно большое количество высококачественного ДНК (пятно крови размером с десяти копеечную монету). Все это делает RFLP анализ трудно применимым.

2.3.2. PCR анализ

С изобретением PCR (polymerase chain reaction), распознавание ДНК сделало огромный шаг как в разрешающей способности (способность установить различия), так и в возможности восстанавливать информацию из малого количества первоначального образца. PCR анализ использует выделение отдельных регионов ДНК при помощи циклического процесса, в котором изменяется температура и используется специальный фермент.

Один из основных недостатков RFLP анализа в том, что он слишком медленный и требует большое количество ДНК. В конечном итоге это привело к разработке методов, основанных на PCR анализе, которые используют меньшие количества ДНК при худшем её качестве. Такие системы стали очень популярными из-за простоты в использовании и малом времени получения результата.

К недостаткам метода следует отнести сложность определения профиля ДНК для смешанных образцов, т.е. содержащих несколько ДНК.

2.3.3. AmpFLP анализ

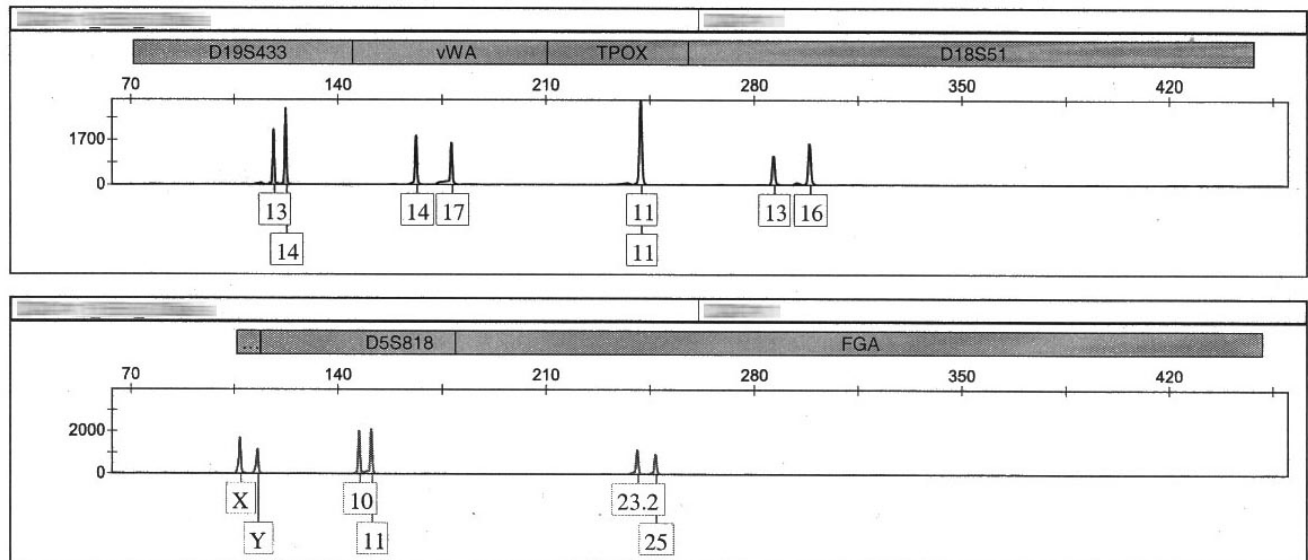
Другой метод, AmpFLP (amplified fragment length polymorphism) так же вошел в практику в начале 90х. AmpFLP анализ, опять же, является быстрее RFLP и использует PCR для выделения образцов ДНК. Он основан на особом типе полиморфизмов - VNTR (variable number tandem repeat).

AmpFLP анализ легко автоматизируется. Из-за относительно низкой стоимости, и простоты обслуживания, AmpFLP популярен в странах с невысокими доходами. Недостаток в том, что метод может дать несколько большую ошибку.

2.3.4. STR анализ

В настоящее время, STR получил наибольшее распространение. Метод работает с короткими повторяющимися участками. Число повторов в каждом из участков различно. Каждому числу повторений соответствует 5-20% людей. Но если рассматривать большое количество участков, разрешающая способность метода становится исключительно высокой (при рассмотрении 13ти участков вероятность ложного совпадения составляет 10^{-18}). Именно это свойство привело к высокой популярности STR анализа.

STR профиль (ось X – длина фрагмента, ось Y – интенсивность сигнала):



2.3.5. Другие методы

При недостатке или очень низком качестве образца используется mtDNA-анализ. В этом методе ДНК извлекается из митохондрий. Дело в том, что в клетке содержится всего 1-2 ядерных ДНК, но много копий митохондриальной ДНК (мтДНК). Благодаря этому, требования к образцу снижаются. Другая особенность – мтДНК передается от матери. Поэтому, мтДНК является очень удобным объектом для изучения родственных связей по материнской линии, эволюции человека, миграции населения, а так же для идентификации людей.

2.4. Надежность ДНК-идентификации

Когда говорят о надежности системы аутентификации, разделяют два класса ошибок:

- FRR (False Rejection Rate) – выносится ошибочное решение в отказе, несмотря на то, что пользователь имеет право доступа.
- FAR (False Acceptance Rate) - незарегистрированный пользователь получает доступ.

К системе предъявляются требования обеспечить как можно более низкое значение FAR-ошибки (10^{-10} и ниже), при достаточно низкой FRR-ошибке (10^{-3}). Действительно, проникновение «чужака» в систему способно принести гораздо более серьезные последствия, чем необходимость повторного прохождения идентификации «своего».

ДНК-идентификация является самым надежным, среди статических биометрических методов аутентификации. В теории вероятность FAR-ошибки находится в пределах от 10^{-10} для RFLP до 10^{-29} при использовании STR. Конечно, при проведении реального анализа, вероятность ошибки возрастает. Но даже при этом, она остается очень низкой, что позволяет использовать процедуру генетического распознавания в таких ответственных ситуациях, как судебная экспертиза.

2.5. Исторические факты

ДНК-экспертиза не раз выступала арбитром истории и судеб. Вот некоторые примеры.

- В 1920 году, Анна Андерсон заявила, что она является чудом спасшейся принцессой Российской Империи Анастасией Романовой. В 1980 её останки были кремированы для экспертизы. Оказалось, что она не имеет никакого отношения к династии Романовых.
- В 1992 году с помощью генетической экспертизы, было показано, что нацистский врач Йозеф Менгель (Josef Mengele) скрывался в Бразилии под именем Вольфганга Герхарда (Wolfgang Gerhard).

Информацию о множестве других случаев Вы можете найти в статье [Genetic Fingerprinting](#).

3. Заключение

В настоящее время системы биометрической идентификации активно развиваются. Очередной толчок индустрия получила после событий 11 сентября 2001 года. Уже сегодня многие биометрические системы вошли или войдут в скорейшем времени в повседневную жизнь (сенсоры отпечатков пальцев, встроенные в ноутбуки; идентификация лиц в аэропортах; биопаспорта). Дальнейшее развитие таких систем подразумевает, в первую очередь, увеличение надежности и скорости анализа.

Методы генетической идентификации очень хорошо подходят для задач, к которым предъявляются повышенные требования к надежности вердикта и количеству/качеству первоначальной информации. Повсеместному распространению ДНК-экспертных систем мешают относительная сложность, дороговизна и большие время затраты на проведение анализа.

4. Литература

1. <http://www.biometric.ru>
2. http://en.wikipedia.org/wiki/Genetic_fingerprinting
3. <http://bio.freehostia.com>
4. Описание математической модели принятия судебных решений на основании результатов ДНК-идентификации. Губко М.В., Перепечина И.О. «Гражданин и право», 2001, №4.
<http://www.mtas.ru/Library/uploads/1086856774.pdf>