

**ПОСТАНОВЛЕНИЕ СОВЕТА МИНИСТРОВ СОЮЗНОГО  
ГОСУДАРСТВА  
16 июня 2017 г. N 26**

**О НАУЧНО-ТЕХНИЧЕСКОЙ ПРОГРАММЕ СОЮЗНОГО  
ГОСУДАРСТВА "РАЗРАБОТКА ИННОВАЦИОННЫХ  
ГЕНОГЕОГРАФИЧЕСКИХ И ГЕНОМНЫХ ТЕХНОЛОГИЙ  
ИДЕНТИФИКАЦИИ ЛИЧНОСТИ И ИНДИВИДУАЛЬНЫХ  
ОСОБЕННОСТЕЙ ЧЕЛОВЕКА НА ОСНОВЕ ИЗУЧЕНИЯ  
ГЕНОФОНДОВ РЕГИОНОВ СОЮЗНОГО ГОСУДАРСТВА"  
("ДНК-ИДЕНТИФИКАЦИЯ")**

*Вступило в силу 16 июня 2017 года*

Совет Министров Союзного государства ПОСТАНОВЛЯЕТ:

1. Утвердить научно-техническую программу Союзного государства "Разработка инновационных геногеографических и геномных технологий идентификации личности и индивидуальных особенностей человека на основе изучения генофондов регионов Союзного государства" ("ДНК-идентификация") (далее - Программа), представленную Федеральным агентством научных организаций и Национальной академией наук Беларуси (прилагается).
2. Установить общий объем финансирования Программы в 2017 - 2021 годах за счет средств бюджета Союзного государства в размере до 1 990 038,5 тыс. российских рублей (за счет отчислений Российской Федерации - до 1 293 500,0 тыс. российских рублей, за счет отчислений Республики Беларусь - до 696 538,5 тыс. российских рублей).
3. Установить объем финансирования Программы в 2017 году из бюджета Союзного государства в размере до 170 518,7 тыс. российских рублей, в том числе за счет отчислений Российской Федерации - до 114 255,3 тыс. российских рублей, за счет отчислений Республики Беларусь - до 56 263,4 тыс. российских рублей.
4. Настоящее постановление вступает в силу со дня его подписания.

Председатель  
Совета Министров  
Союзного государства

Д.Медведев

УТВЕРЖДЕНА  
постановлением Совета Министров  
Союзного государства  
от 16 июня 2017 г. N 26

УТВЕРЖДАЮ  
Руководитель  
Федерального агентства  
научных организаций  
М.М. Котюков

УТВЕРЖДАЮ  
Председатель Президиума  
Национальной академии  
наук Беларуси  
В.Г. Гусаков

Проект

**НАУЧНО-ТЕХНИЧЕСКАЯ ПРОГРАММА СОЮЗНОГО  
ГОСУДАРСТВА "РАЗРАБОТКА ИННОВАЦИОННЫХ  
ГЕНОГЕОГРАФИЧЕСКИХ И ГЕНОМНЫХ ТЕХНОЛОГИЙ  
ИДЕНТИФИКАЦИИ ЛИЧНОСТИ И ИНДИВИДУАЛЬНЫХ  
ОСОБЕННОСТЕЙ ЧЕЛОВЕКА НА ОСНОВЕ ИЗУЧЕНИЯ  
ГЕНОФОНДОВ РЕГИОНОВ СОЮЗНОГО ГОСУДАРСТВА"  
("ДНК-ИДЕНТИФИКАЦИЯ")**

**СОДЕРЖАНИЕ**

Термины и определения

1. Содержание проблемы, обоснование ее актуальности и необходимости разработки Программы для решения проблемы
2. Цели и задачи, срок реализации Программы
3. Система мероприятий Программы
4. Финансовое обеспечение Программы
5. Организация управления Программой и контроля за ходом ее реализации
6. Ожидаемые результаты реализации Программы
7. Вопросы собственности
8. Оценка ожидаемой социально-экономической и экологической эффективности Программы

**Термины и определения**

В настоящей Программе применяются следующие термины и определения:

**ДНК** (дезоксирибонуклеиновая кислота) - молекула, обеспечивающая хранение, передачу из поколения в поколение и реализацию программы развития и функционирования клеток и организмов. ДНК человека представляет собой линейный полимер, состоящий из мономерных звеньев-нуклеотидов четырех типов,

чередующихся в определенном порядке. Общая длина ДНК, получаемой человеком от каждого из родителей, представлена последовательностью из 3 миллиардов нуклеотидов. Последовательность нуклеотидов в ДНК уникальна для каждого человека;

база данных - компьютерная (электронная) база данных, содержащая описание коллекций биологических материалов, включая ДНК, либо результатов генетического анализа коллекций ДНК;

биоинформатика - совокупность методов компьютерного анализа последовательностей нуклеотидов, применяемая в исследованиях геномов для выявления в них искомым свойств;

биологические материалы - биологические жидкости и ткани (кровь, слюна, сперма, волосяные луковицы, фрагменты тканей и органов), а также биологические следы (пятна крови, слюны, спермы, потожировые следы, включая отпечатки пальцев, частички кожи и других тканей) человека, используемые для выделения ДНК;

биологический образец - часть биологического материала, отобранного для анализа;

генеогеографическая технология - специфическая совокупность приемов и способов получения и обработки (анализа) данных генофонда населения географического региона, включающих соотнесение характеристик этого генофонда с географическим местоположением популяций;

геномная технология - совокупность методов и инструментов анализа всего генома человека или большого числа ДНК-маркеров, распределенных по геному, с номинальным качеством и оптимальными затратами, обусловленными текущим уровнем развития науки и техники;

геном человека - совокупность генетического материала организма человека, представленного 23 парами ядерных хромосом и митохондриальной ДНК;

ДНК-маркеры - переменные участки ДНК, позволяющие выявить генетические отличия между индивидами;

информативные ДНК-маркеры - ДНК-маркеры, характеризующиеся высокой межиндивидуальной или межпопуляционной изменчивостью;

генетические локусы - места расположения в геноме ДНК-маркеров;

генетические характеристики населения - характеристики генофонда (спектр и частоты генетических вариантов), определяющие степень генетических различий между индивидами в популяции и генетические отличия между популяциями;

генофонд населения - совокупность генетических вариантов

(альтернативных состояний ДНК-маркеров), встречающихся в популяции;

динамика генофондов - изменение с годами и/или поколениями частот встречаемости вариантов генов в популяциях человека под влиянием миграционных и других демографических процессов;

генотипирование - выявление генетических вариантов ДНК-маркеров;

ДНК-идентификация - метод идентификации индивида на основе определения последовательности чередования нуклеотидов (букв генетического текста) в молекуле ДНК. Данная последовательность остается одинаковой и неизменной во всех клетках индивида на протяжении его жизни и после его смерти;

ДНК-технология - совокупность методов и инструментов работы с молекулами ДНК;

методы массового параллельного секвенирования - экономически эффективные методы определения последовательности нуклеотидов ДНК с высокой разрешающей способностью;

набор реагентов - комплект специально подобранных компонентов (реактивов) заданного уровня качества, предназначенный для выявления специфических особенностей участков генома или присутствия искомым метаболитов в анализируемом биологическом образце, и инструкций по его применению;

опытный образец набора реагентов - опытный набор реагентов, составленный по вновь разработанной рабочей документации, предназначенный для апробации, в том числе в криминалистических лабораториях, на соответствие заданным требованиям по определению соответствующих характеристик ДНК неизвестного индивида, с целью принятия решения о его применимости в криминалистической практике;

популяция - совокупность индивидов, проживающих на определенной территории в течение нескольких поколений и обладающих общим генофондом;

секвенирование ДНК - определение первичной структуры молекулы ДНК;

реестр маркеров - список генетических или эпигенетических маркеров, выявленных по результатам экспериментального анализа коллекций ДНК либо по результатам скрининга научных публикаций, для которых показана связь с признаками, подлежащими определению;

подреестр маркеров - список генетических или эпигенетических маркеров, выявленных на первичных этапах анализа экспериментальных или литературных данных и обладающих необходимыми для исследования свойствами. Среди всех маркеров

подреестра после экспериментальной верификации отбирают те маркеры, которые проходят строгие статистические критерии, свидетельствующие о связи с исследуемыми признаками. Отобранные из подреестра маркеры включаются в реестры маркеров;

техническая документация - совокупность документов, необходимая и достаточная для непосредственного использования на каждой стадии жизненного цикла продукции;

этногеографическое происхождение - историческое место происхождения и/или этническая принадлежность предков индивида;

STR-маркер - короткий tandemный повтор из звеньев длиной в несколько нуклеотидов в молекуле ДНК. Один из типов ДНК-маркеров, наиболее часто используемый при ДНК-идентификации, основанной на присутствии у разных индивидов разного числа звеньев таких повторов в данном участке хромосомы;

SNP-маркер - генетический локус, в котором у разных индивидов стоят разные нуклеотиды. Один из типов ДНК-маркеров, перспективных для разработки систем ДНК-идентификации.

## **1. Содержание проблемы, обоснование ее актуальности и необходимости разработки Программы для решения проблемы**

Научно-техническая программа Союзного государства "Разработка инновационных геногеографических и геномных технологий идентификации личности и индивидуальных особенностей человека на основе изучения генофондов регионов Союзного государства" ("ДНК-идентификация") (далее - Программа) разработана Федеральным агентством научных организаций и Национальной академией наук Беларуси в соответствии с постановлением Совета Министров Союзного государства от 12 мая 2016 г. N 12 "О Концепции научно-технической программы Союзного государства "Разработка инновационных геногеографических и геномных технологий идентификации личности и индивидуальных особенностей человека на основе изучения генофондов регионов Союзного государства" ("ДНК-идентификация")".

Программа направлена на решение комплексной задачи улучшения качества жизни населения Союзного государства. Улучшение качества жизни населения входит в приоритеты социально-экономической политики Республики Беларусь и Российской Федерации и общей согласованной социальной политики Союзного государства.

В Стратегии национальной безопасности Российской Федерации, утвержденной Указом Президента Российской Федерации от 12 апреля 2009 г. N 537, качество жизни граждан отнесено к национальным

интересам на долгосрочную перспективу.

Для решения в рамках настоящей Программы поставленных задач выбраны такие компоненты улучшения качества жизни, как повышение безопасности граждан от внешних насильственных действий, включая акты терроризма и серийные преступления.

Концепцией безопасности Союза Беларуси и России, утвержденной Решением Высшего Совета Союза Беларуси и России от 28 апреля 1999 г. N 3, предусматривается совместная деятельность Российской Федерации и Республики Беларусь по предупреждению терроризма и борьбе с ним.

Решение обозначенной проблемы в рамках Программы предполагается обеспечить путем разработки отечественных инновационных ДНК-технологий для применения в криминалистике и в социальной сфере.

Актуальность выбора этого варианта решения проблемы обусловлена следующими факторами.

В последние годы ДНК-технологии переживают бурное развитие во всем мире, а уже накопленный опыт их применения в избранных для решения проблемы сферах показал их высокую эффективность по сравнению с ранее применявшимися технологиями.

В связи с изменениями в международной обстановке в части нарастания угроз совершения террористических актов вопрос повышения эффективности предупреждения и пресечения террористических актов приобретает для Союзного государства принципиально важное значение.

Большую общественную значимость представляет также ускорение раскрываемости тяжких и серийных преступлений против личности, а также формирование доказательной базы для привлечения преступников к ответственности.

В деятельности правоохранительных органов по предотвращению и пресечению террористических актов и так называемых "резонансных" и серийных преступлений нередко ключевое значение имеет быстрота идентификации личности преступников и их жертв.

Мировая и отечественная практика применения ДНК-технологий в криминалистике показала их преимущества в сфере идентификации личности неизвестного индивида по сравнению с другими известными в криминалистике методами идентификации. Причем ДНК идентифицируемой личности может быть получена практически из любых оставленных этой личностью биологических следов.

ДНК-идентификация проводится путем сравнения ДНК, полученной от идентифицируемого лица или с места преступления, с другой ДНК, имеющейся в распоряжении криминалистов. Однако такой

сравнительный анализ невозможен, если сравнительного материала ДНК в распоряжении криминалистов не имеется.

В последнее время стало возможно преодолеть это ограничение.

Так, найдено принципиальное решение для определения по ДНК-маркерам исследуемой ДНК принадлежности идентифицируемого индивида к определенной популяции населения и (или) определения географического региона происхождения его предков или родственников. Современные методы исследований ДНК позволяют также установить некоторые внешние признаки идентифицируемого неизвестного лица (цвет волос, глаз, пол, возраст).

Совокупность этих данных существенно повышает эффективность розыска преступника или установления личности неизвестного идентифицируемого лица или идентификации останков.

Внедрение этих технологий в практику правоохранительных органов должно не только вооружить правоохранительные органы современными методами криминалистических исследований, но и способствовать повышению эффективности расходования бюджетных средств на розыск преступников и формирование доказательной базы насильственных преступлений. Кроме того, открывается перспектива экспорта вновь разработанных ДНК-технологий.

Результаты Программы в этой части должны быть применимы и для решения таких актуальных гуманитарных задач, как быстрая идентификация жертв природных и техногенных катастроф, военных конфликтов, в том числе идентификация останков погибших в Великой Отечественной войне.

Другим направлением работ по Программе выбрано прогнозирование на основе ДНК-технологий возникновения и развития ряда заболеваний, в первую очередь широко распространенных (сердечно-сосудистых, эндокринных, аутоиммунных, костно-мышечных, онкологических и некоронарогенных заболеваний сердца), для снижения уровня заболеваемости населения.

В настоящее время в России и Беларуси такой анализ ДНК проводят в инициативном порядке в основном отдельные негосударственные организации по индивидуальным, персональным обращениям.

Современные геномные технологии, применяемые для идентификации генов, связанных с риском развития сердечно-сосудистых и других широко распространенных заболеваний, включая эндокринные, аутоиммунные, онкологические, некоронарогенные заболевания сердца и заболевания костно-мышечной системы, позволяют выявить риски появления и развития указанных заболеваний у конкретного индивида еще до их клинического проявления. Выявление групп риска по перечисленным заболеваниям дает

ориентировку на поиск сведений об индивиде в медицинских базах данных по этим заболеваниям.

В предлагаемой Программе предусматривается разработка оригинальных технологий для оценки риска развития указанных заболеваний на основе анализа ДНК индивида.

Обоснованность выбора программы Союзного государства как инструмента для решения поставленной проблемы обусловлена следующим:

статья 2 Договора о создании Союзного государства от 8 декабря 1999 г. (далее - Договор о создании Союзного государства) определяет, что одной из целей Союзного государства является проведение согласованной социальной политики, направленной на создание условий, обеспечивающих достойную жизнь и свободное развитие человека, а также обеспечение безопасности Союзного государства и борьба с преступностью;

развитие науки, борьба с терроризмом и другими видами преступлений отнесены указанным Договором к совместному ведению Союзного государства и государств-участников;

имеющийся у государств-участников научный потенциал достаточен для решения задач Программы, взаимно дополняет и обогащает друг друга, что обеспечивает достижение конечного результата в сжатые сроки с наименьшими затратами;

программные задачи требуют проведения в каждом из государств-участников эквивалентных исследований, совместимых по своим результатам;

Российская Федерация и Республика Беларусь обладают общностью генофонда и демографических тенденций, особенностями эволюционного формирования популяций, представляющих население различных регионов;

для практического применения предлагаемых к разработке технологий необходимо учитывать характеристики генофонда популяций, представляющих все регионы Союзного государства, так как гражданам гарантируется свобода перемещения по всей территории Союзного государства при отсутствии пограничного контроля на межгосударственной границе, а также действуют двусторонние соглашения о взаимном оказании медицинской помощи и обеспечена свобода трудоустройства.

При подготовке Программы был проведен детальный анализ действующих и перспективных государственных программ Российской Федерации, федеральных целевых программ и национальных проектов Республики Беларусь с привлечением ведущих специалистов и ученых в рассматриваемой области. Действующими и перспективными



государственными программами Российской Федерации, федеральными целевыми программами, национальными проектами Республики Беларусь и республиканскими программами Республики Беларусь не предусматривается проведение научно-исследовательских и иных работ по разработке инновационных ДНК-технологий, в том числе геногеографических и геномных для идентификации личности в криминалистике, в связи с чем мероприятия настоящей Программы не дублируют направления исследований вышеуказанных документов.

В целях исключения дублирования при разработке Программы учтены и проанализированы мероприятия Комплексной программы развития биотехнологий в Российской Федерации на период до 2020 года, утвержденной Председателем Правительства Российской Федерации В.В.Путиным 24 апреля 2012 г. N 1853п-П8, а также учтены научно-исследовательские и опытно-конструкторские работы, поддерживаемые в рамках Федеральной целевой программы "Развитие фармацевтической и медицинской промышленности Российской Федерации на период до 2020 года и дальнейшую перспективу", утвержденной постановлением Правительства Российской Федерации от 17 февраля 2011 г. N 91.

Программа разработана на основе результатов, полученных при реализации Программы фундаментальных научных исследований государственных академий наук на 2013 - 2020 годы, а также Программы фундаментальных исследований государственных академий наук на 2008 - 2012 годы.

При этом мероприятия Программы не дублируют направления Программы фундаментальных научных исследований государственных академий наук на 2013 - 2020 годы.

В рамках предшествующих исследований Российской академии наук и Национальной академии наук Беларуси получены результаты, которые позволяют решить задачи Программы с наименьшими затратами.

При этом успешной реализации Программы способствует наличие:  
накопленного опыта предшествующих исследований;

имеющихся коллекций биологических материалов и ДНК населения регионов Российской Федерации и Республики Беларусь (далее - регионов Союзного государства);

сложившихся научных коллективов, имеющих кадры высокой квалификации для выполнения планируемых работ и опыт совместной реализации крупномасштабных совместных проектов, в том числе международных;

значительных результатов в области популяционной генетики человека;

сложившегося механизма взаимодействия российских и белорусских ученых в этой сфере;

апробированных подходов к применению геногеографии в криминалистике (например, при установлении личности преступника, совершившего террористический акт в аэропорту Домодедово);

апробированных подходов к оценке риска возникновения и развития ряда медицинских патологий.

Настоящая Программа разработана с учетом:

Основных направлений формирования единого научно-технологического пространства Союзного государства, одобренных постановлением Совета Министров Союзного государства от 4 апреля 2006 г. N 9;

структуры приоритетных направлений научно-технической деятельности в Республике Беларусь на 2016 - 2020 годы, утвержденных Указом Президента Республики Беларусь от 22 апреля 2015 г. N 166;

Приоритетных направлений развития науки, технологий и техники в Российской Федерации, утвержденных Указом Президента Российской Федерации от 7 июля 2011 г. N 899.

Планируемые результаты Программы способствуют достижению целей и задач:

Концепции безопасности Союза Беларуси и России, утвержденной Решением Высшего Совета Союза Беларуси и России от 28 апреля 1999 г. N 3;

Стратегии национальной безопасности Российской Федерации, утвержденной Указом Президента Российской Федерации от 31 декабря 2015 г. N 683;

Стратегии инновационного развития Российской Федерации на период до 2020 года, утвержденной распоряжением Правительства Российской Федерации от 8 декабря 2011 г. N 2227-р;

Концепции общественной безопасности в Российской Федерации, утвержденной Президентом Российской Федерации 14 ноября 2013 г. N Пр-2685;

Комплексной программы развития биотехнологий в Российской Федерации на период до 2020 года, утвержденной Председателем Правительства Российской Федерации 24 апреля 2012 г. N 1853п-П8;

Государственной программы Российской Федерации "Обеспечение общественного порядка и противодействие преступности", утвержденной постановлением Правительства Российской Федерации от 15 апреля 2014 г. N 345;

Федеральной целевой программы "Исследования и разработки по приоритетным направлениям развития научно-технологического комплекса России на 2014 - 2020 годы", утвержденной постановлением

Правительства Российской Федерации от 21 мая 2013 г. N 426.

При реализации Программы не предусматривается использование данных государственной геномной регистрации, проведение работ, подпадающих под действие Федерального закона от 3 декабря 2008 г. N 242-ФЗ "О государственной геномной регистрации в Российской Федерации".

## **2. Цели и задачи, срок реализации Программы**

Целью Программы является разработка соответствующих современному мировому уровню развития науки отечественных унифицированных инновационных ДНК-технологий (геногеографических и геномных) и методик для их применения в криминалистике, создание опытных образцов наборов реагентов для разработанных ДНК-технологий на основе результатов научных исследований, научно-технических разработок, а также проверка на практике инновационных геногеографических и геномных методик и ДНК-технологий для применения в криминалистике, позволяющих повысить эффективность обеспечения безопасности граждан Союзного государства.

Цель Программы планируется к достижению в 2021 году.

Достижение цели Программы не только ликвидирует угрозу отставания государств - участников Договора о создании Союзного государства в развитии ДНК-технологий от стран с наиболее развитыми ДНК-технологиями, но и обеспечит укрепление экспортного потенциала в этой сфере. Это должно привести к повышению уровня безопасности населения государств - участников Договора о создании Союзного государства и способствовать уменьшению смертности от насильственных действий и повышению трудоспособного долголетия населения.

Разработанные в результате реализации Программы ДНК-технологии и методики должны основываться на результатах передовых мировых и отечественных фундаментальных, поисковых научных исследований, научно-технических, производственно-технологических и организационно-правовых разработок и обеспечивать получение, применение новых знаний в области генетической науки и прикладной генетики для решения намеченных задач на территории Российской Федерации и Республики Беларусь.

Как уже отмечалось, для ускорения поиска и точной идентификации индивида, биологические следы которого оказались в поле интересов следствия, планируется разработка уникальных ДНК-технологий и методик определения этногеографического

происхождения, внешности, возраста и других индивидуальных характеристик индивида по ДНК, извлеченной из оставленных им биологических следов.

Аналогичные методики разрабатываются и за рубежом (например, "генетический GPS", "геногеографический GPS"). Имеются продукты, позволяющие установить происхождение индивида в масштабе континентов (африканское, или восточноазиатское, или европейское происхождение), что практически бесполезно для целей идентификации в Союзном государстве.

Имеются также научные разработки международного консорциума, показывающие для населения отдельных регионов Зарубежной Европы, что детальный анализ населения регионов позволяет устанавливать регион происхождения с точностью до 50 километров. Однако имеющиеся зарубежные наработки мало или вообще не применимы для Союзного государства, так как не дают необходимой точности. Это обусловлено привязкой аналитического аппарата технологий ДНК-идентификации к генетическим характеристикам населения конкретного региона. В настоящее время реализация такого подхода для населения России и Беларуси невозможна из-за отсутствия данных по необходимым генетическим характеристикам населения. Такие генетические характеристики предполагается разработать в результате реализации настоящей Программы на базе уже имеющихся коллекций биологических материалов, представляющих население регионов Союзного государства.

В геногеографическое исследование на базе имеющихся коллекций планируется также включить народы сопредельных стран, являющихся основным источником миграции.

В настоящее время в мировой практике применяются методы идентификации по ДНК на основе анализа до 30 локусов (точек известного положения в геноме) в геноме человека. Идентификация позволяет установить принадлежность биологического материала (например, следа с места преступления) конкретному человеку (подозреваемому или жертве) при наличии либо биологического материала, принадлежащего заведомо этому человеку, либо при наличии характеристик ДНК этого человека в криминалистических базах данных.

Основным направлением в криминалистической ДНК-идентификации в настоящее время является экспериментальное исследование так называемых STR-маркеров ДНК из биологического материала в сравнении с экспериментальным исследованием STR-маркеров ДНК предполагаемого преступника или жертвы либо в биоинформатическом сравнении с данными об STR-маркерах ДНК

индивидов, имеющих в базах данных.

Обновление научно-методической базы в данной сфере происходит примерно раз в 5 лет, что определяет актуальность реализации Программы.

Программа предполагает разработку системы SNP-маркеров, специфичных для населения Союзного государства и указывающих на географическое и популяционное происхождение индивида или его предков, возраст индивида, а также характерные черты его внешности. SNP-маркеры подлежат выявлению на технологической платформе методов массового параллельного секвенирования (МПС). Использование платформы позволит выявлять одновременно и новые SNP-маркеры, и традиционные STR-маркеры, по которым накоплена обширная база данных.

За рубежом уже начато производство реагентов для определения внешних признаков индивида по его ДНК, например цвета глаз для населения Нидерландов. Однако установлено, что применение указанных наборов дает точность до 90% для голландцев, но существенно меньшую точность при применении для населения других стран (менее 60% для населения США). Необходимо отметить, что испытание данного набора реагентов на представителях нескольких российских народов не дало положительных результатов, что указывает на необходимость разработки набора, учитывающего генетические особенности населения Союзного государства.

В связи со значимостью проблемы обеспечения безопасности актуальна разработка отечественных перспективных ДНК-технологий определения этногеографического происхождения, возраста, пола, популяционной принадлежности личности и наборов реагентов для исследований на базе ДНК-маркеров, пригодных не только в случаях наличия сравнительного материала, но и при его отсутствии, а также в случаях наличия малых количеств ДНК или деградированной ДНК.

Разработанные наборы реагентов должны:

обеспечивать импортозамещение, а в отдельных случаях - обеспечивать опережение иностранных разработок;

являться пригодными для применения совместно с существующими перспективными приборами и оборудованием для ДНК-технологий для работы с ДНК населения Союзного государства и сопредельных стран.

Проводимые в рамках Программы экспериментальные разработки должны основываться на знаниях, приобретенных в результате проведения предшествующих научных исследований и исследований по Программе, и обеспечивать создание новых материалов, процессов, методов криминалистической деятельности, сохранение жизни и здоровья человека.

Для целей криминалистики должно быть обеспечено определение этногеографического происхождения, возраста, пола, внешности и популяционной принадлежности индивида и идентификация личности неизвестного индивида по его ДНК, в том числе по ДНК, полученной из биологических следов или останков, в том числе в случае доступности только малых количеств ДНК, поврежденной или деградированной ДНК и отсутствии сравнительного генетического материала или сведений в генетических базах данных (криминалистических учетах в соответствии с законом о государственной геномной регистрации).

Разработанные для целей криминалистики технологии, методики и наборы реагентов должны быть адаптированы для применения в практической криминалистике.

Выявление ДНК-маркеров широко распространенных заболеваний (сердечно-сосудистых, эндокринных, аутоиммунных, костно-мышечных, онкологических и некоронарогенных заболеваний сердца), осуществляемое белорусской стороной в рамках Программы, будет являться актуальным для применения в криминалистике, поскольку выявление данных ДНК-маркеров в биологических следах неизвестного преступника или жертвы даст указание на поиск сведений об индивиде в массивах информации медицинского профиля в части перечисленных заболеваний, к которым выявленный ДНК-маркер предрасполагает индивида, биологический след которого исследуется. Полученная при поиске таких ДНК-маркеров геномная информация, как и наборы реагентов для их выявления, будет применима в криминалистике, а также актуальна при диагностике вероятной предрасположенности к перечисленным заболеваниям.

Указанная цель соответствует компетенции государственного заказчика - координатора Программы (ФАНО России) и государственного заказчика Программы (НАН Беларуси).

Достижение цели Программы обеспечивается решением следующих задач.

Задача А. Разработка инновационных геногеографических и геномных технологий, методик определения этногеографического происхождения, возраста, пола, внешности и популяционной принадлежности и идентификации неизвестного лица по его биологическим следам для применения в криминалистике.

Задача Б. Разработка методик определения прижизненной модификации ДНК и геномных технологий определения риска широко распространенных заболеваний (сердечно-сосудистых, эндокринных, аутоиммунных, костно-мышечных, онкологических и некоронарогенных заболеваний сердца), а также генетической компоненты психоэмоционального статуса человека для применения в

криминалистике.

Задача В. Разработка и изготовление опытных образцов инновационных наборов реагентов для геногеографических и геномных технологий определения характерных признаков индивида по ДНК и определения индивидуальной предрасположенности к наиболее широко распространенным заболеваниям.

Задача Г. Разработка методики составления прогноза динамики генофондов населения мегаполисов Союзного государства при различных миграционных сценариях.

Решение указанных задач Программы обеспечивается к концу срока реализации Программы.

В рамках Программы предусматривается проведение апробации разработанных ДНК-технологий, методик и наборов реагентов.

Срок реализации Программы составляет 5 лет (2017 - 2021).

Вышеперечисленные задачи определены на основании анализа наиболее значимых факторов достижения поставленной цели.

Разработка приборной базы для новых ДНК-технологий в рамках настоящей Программы не предусмотрена, поскольку введение данного мероприятия потребует усложнения Программы, дополнительных существенных затрат на разработку приборов, аналоги которых в настоящее время имеются на рынке, а также организацию их выпуска.

Численные значения показателей и характеристики индикаторов Программы, отражающие достижение конечных социально-экономических результатов ее выполнения, приведены в таблице раздела 6.

Промежуточные целевые индикаторы и показатели, используемые при количественной и качественной оценке результатов работ применительно к мероприятиям Программы по годам ее реализации, приведены в следующем разделе Программы и могут быть детализированы государственным заказчиком-координатором и государственным заказчиком в технических заданиях и в государственных контрактах (договорах).

### **3. Система мероприятий Программы**

Для достижения цели Программы и решения ее задач сформирована система мероприятий Программы, представленная ниже в форме четырех разделов (А, Б, В, Г), в которых описан состав мероприятий, содержание научно-исследовательских, опытно-конструкторских и технологических работ и научно-технических разработок и ожидаемые результаты.

В качестве исходной информации для запланированных работ

российской стороной используются исключительно имеющиеся в ее распоряжении коллекции биологических материалов, представляющие население Союзного государства и сопредельных стран - источников миграции, сформированные, в частности, при реализации проектов в рамках Федеральной целевой программы "Исследования и разработки по приоритетным направлениям развития научно-технологического комплекса России на 2014 - 2020 годы". Белорусской стороной проводится сбор коллекций биологических образцов населения регионов Республики Беларусь, необходимых для достижения целей мероприятий.

В ходе проведения и по завершении работ будет проведена апробация полученных результатов, в том числе в криминалистических лабораториях, подведомственных органам государственной власти и правоохранительным органам Российской Федерации и Республики Беларусь.

При проведении работ все биологические материалы и получаемые генетические данные должны использоваться анонимно, то есть без привлечения личных данных индивида в соответствии с законодательством Российской Федерации о защите персональных данных и Законом Республики Беларусь от 10 ноября 2008 г. N 455-З "Об информации, информатизации и защите информации".

При сборе, учете, хранении и предоставлении информации о биологических материалах и получаемых генетических данных исполнители обязаны обеспечить режим ограниченного доступа с соблюдением требований национального законодательства.

## **Раздел А**

Мероприятия по решению задачи А "Разработка инновационных геногеографических и геномных технологий, методик определения этногеографического происхождения, возраста, пола, внешности и популяционной принадлежности и идентификации неизвестного лица по его биологическим следам для применения в криминалистике" проводятся на основе имеющихся у российской стороны популяционных коллекций биологических материалов, представляющих население Российской Федерации, и дополнительно собираемых белорусской стороной биологических образцов, представляющих население Республики Беларусь, и включают в себя мероприятия 1 - 4. В этих мероприятиях должны быть выявлены ДНК-маркеры, анализ которых необходим для достижения целей мероприятия. Выявленные по итогам выполнения этапов мероприятий ДНК-маркеры подлежат внесению в реестры, результаты



экспериментального анализа по этим ДНК-маркерам образцов ДНК индивидов, представляющих популяции регионов Союзного государства, - внесению в базы данных, на основе биоинформатической и статистической обработки этих баз данных должны быть разработаны геногеографические и геномные технологии для применения в криминалистике.

Соответствие запланированных работ по Программе мировому уровню определяется тем, что за рубежом методы ДНК-идентификации этнорегионального происхождения неизвестных индивидов широко используются криминалистами. В России применение этих методов ограничено отсутствием данных о генетической структуре этнорегиональных групп населения по признакам, необходимым для их ДНК-идентификации принадлежности индивида к таким группам. Получение этих данных и запланировано в Программе.

В то же время сами коллекции биологических материалов, необходимые для проведения работ по Программе, уже сформированы в России, в частности, в рамках бюджетного финансирования, в том числе при реализации проектов в рамках Федеральной целевой программы "Исследования и разработки по приоритетным направлениям развития научно-технологического комплекса России на 2014 - 2020 годы".

При реализации мероприятий Программы будут проработаны и учтены результаты уже реализованных и реализующихся проектов на территории Российской Федерации, в том числе проектов Федеральной целевой программы "Исследования и разработки по приоритетным направлениям развития научно-технологического комплекса России на 2014 - 2020 годы".

### **Мероприятие 1. Разработка технологии определения вероятной внешности неизвестного индивида по характеристикам его ДНК**

Целью мероприятия является разработка инновационной ДНК-технологии, позволяющей определить по биологическому материалу, содержащему ДНК, параметры внешности (цвет волос, цвет глаз) носителя этой ДНК.

Подлежат выявлению ключевые гены и их варианты, влияющие на исследуемые признаки внешности, их частоты в популяциях, и должны быть выявлены наиболее информативные ДНК-маркеры исследуемых признаков внешности.

Для достижения целей мероприятия, выполняемых российской стороной, формируется коллекция образцов ДНК "ДНК-Фенотип-Р" на основе коллекций биологических материалов, содержащих не менее 500 образцов ДНК представителей популяций из Перечня "Фенотип-Р",

представляющих регионы с населением различных антропологических типов, отражающая спектр фенотипической изменчивости по изучаемым признакам в соответствующих группах, сопровождаемых для каждого индивида антропологической фотографией в трех проекциях. Перечень "Фенотип-Р" состоит из не менее чем 7 популяционных региональных единиц: русское население Центральной России, финно-угорские популяции Европейской части России, народы Северного Кавказа, народы Поволжья, народы Урала, народы Сибири, народы Дальнего Востока. Количество популяций в формируемой коллекции образцов ДНК не может быть сокращено, но может быть расширено за счет включения дополнительных популяций, важных для практической работы криминалистов.

По результатам генотипирования образцов коллекции "ДНК-Фенотип-Р" выявляются ДНК-маркеры, наиболее информативные для определения параметров внешности у представителей населения Союзного государства. Результаты генотипирования должны быть внесены в базы данных "Экзом-внешность-Р" и "Генотип-внешность-Бел", а генетические маркеры, выявленные в результате обработки полученных экспериментальных данных, - в подреестры "Внешность-экзом-Р" и "Внешность-цвет-Р" и в итоговые реестры "Внешность-Р" и "Внешность-Бел". Частоты встречаемости ДНК-маркеров реестра "Внешность" в различных региональных группах населения Союзного государства устанавливаются на основе экспериментального анализа ДНК индивидов, представляющих популяции Перечня "Генотип-Р", соответствующего уже имеющимся коллекциям биологических материалов от индивидов различных этногеографических групп (описание Перечня приведено в мероприятии 3) и образцов "ДНК-Фенотип-Бел". Эти частоты подлежат представлению в виде географических карт (генеогеографического атласа) с указанием регионов с различной частотой встречаемости генов, ответственных за признаки внешности.

Итоговая информация должна быть представлена в виде параметров внешности неизвестного индивида (с указанием их вероятности для представителей различных антропологических типов) и географических карт (генеогеографического атласа) встречаемости вариантов генов, ответственных за признаки внешности.

В рамках мероприятия 1 планируется выполнение следующих научно-исследовательских, опытно-конструкторских и технологических работ:

выявление ДНК-маркеров (вариантов генов), наиболее информативных для определения параметров внешности у представителей населения Союзного государства, и разработка

итоговых реестров ДНК-маркеров "Внешность-Р" и "Внешность-Бел";  
формирование баз данных частот встречаемости указанных ДНК-маркеров в различных региональных группах населения Союзного государства на основе экспериментального определения генотипов по генетическим маркерам, входящих в реестры "Внешность-Р" и "Внешность-Бел", у индивидов, представляющих популяции Перечня "Генотип-Р", и образцов "ДНК-Фенотип-Бел";

разработка технической документации и апробация ДНК-технологии определения внешности по ДНК индивида на основе разработанных реестров и баз данных.

В рамках выполнения указанных работ предусматривается проведение патентных исследований. В отношении разработанной технологии предусматривается введение режима коммерческой тайны соответствующим актом исполнителя.

Итогом научно-исследовательских, опытно-конструкторских и технологических работ является техническая документация для определения вероятной внешности неизвестного индивида по характеристикам его ДНК и протоколы апробации разработанной ДНК-технологии в криминалистических лабораториях.

Материалы и информация, используемые для выполнения указанных работ российской стороной, должны соответствовать следующим требованиям:

использование коллекций биологических материалов (или ДНК из них) не менее 500 образцов, сопровождаемых для каждого индивида антропологическими фотографиями (в трех проекциях), из групп коренного населения Союзного государства в соответствии с Перечнем популяций "Фенотип", отражающих спектр фенотипической изменчивости по изучаемым признакам в соответствующих группах. Перечень "Фенотип-Р" включает группы народонаселения, для представителей которых имеются образцы ДНК, сопровождаемые для каждого индивида антропологической фотографией в трех проекциях. Перечень состоит из следующих 7 региональных единиц: русское население Центральной России, финно-угорские популяции Европейской части России, народы Северного Кавказа, народы Поволжья, народы Урала, народы Сибири, народы Дальнего Востока. Перечень популяций не может быть сокращен, но может быть расширен за счет включения дополнительных популяций, важных для практической работы Следственного комитета Российской Федерации;

использование коллекций биологических материалов (или ДНК из них) представителей групп коренного населения Союзного государства в соответствии с Перечнем "Генотип-Р", всего не менее 900 индивидов;

наличие подтверждения научной значимости коллекций таких

биологических материалов публикациями с их использованием в научных журналах из международной базы данных научного цитирования Web of Science;

иметь подтверждение доступности коллекций для реализации работ мероприятия положением о коллекции или другими локальными актами организации - исполнителя мероприятия с перечислением данных коллекций, правом на использование которых обладает организация, либо документом на право использования коллекций для целей мероприятия, полученным от правообладателя этой коллекции или от ее создателя.

Также для выполнения указанных работ предусматривается:

использование опыта разработки программного обеспечения для анализа описательных и измерительных признаков внешности по антропологическим фотографиям (в 3 проекциях), основанного на методах, апробированных в криминалистической практике, и опубликованного в журналах международной базы данных научного цитирования Web of Science;

использование опыта проведения геногеографических исследований, подтвержденного публикациями в научных журналах из международной базы данных научного цитирования Web of Science.

Ожидаемые результаты, индикаторы, показатели и сроки выполнения работ приведены в таблице 1.

Таблица 1

Наименование работ	Ожидаемые результаты, индикаторы и показатели	Срок выполнения
Выявление ДНК-маркеров (вариантов генов), наиболее информативных для определения параметров внешности у представителей населения Союзного государства, и разработка реестра генетических локусов "Внешность"	Подреестр ДНК-маркеров (не менее 50), потенциально высокоинформативных для определения цвета глаз и волос (подреестр "Внешность-цвет-Р") на основе результатов анализа не менее 300 образцов коллекций биологических материалов в соответствии с Перечнем "Фенотип-Р". В подреестр входит список из не менее 50 генетических	2017

	<p>маркеров, связанных с цветом глаз и цветом волос и выявленных на основе анализа научных публикаций по генетической детерминации цвета глаз (не менее двух, включая темные и светлые) и волос (не менее трех, включая темные, светлые, рыжие) (Российская Федерация &lt;1&gt; - не менее 1)</p>	
	<p>Подреестр ДНК-маркеров (не менее 10), потенциально высокоинформативных для определения признаков внешности в популяциях Союзного государства (подреестр "Внешность-экзом-Р") по итогам анализа экзотов не менее 300 образцов коллекций биологических материалов в соответствии с Перечнем "Фенотип-Р".</p> <p>В подреестр входят не менее 10 генетических маркеров, связанных с цветом волос и цветом глаз, которые будут выявлены при экспериментальном анализе экзотов ДНК от индивидов с установленным по антропологическим фотографиям цветом глаз (не менее двух, включая темные и светлые) и волос (не менее трех, включая темные, светлые, рыжие) (Российская Федерация - не менее 1)</p>	<p>2019</p>
	<p>Итоговые реестры</p>	<p>2020</p>

	<p>"Внешность-Р" и "Внешность-Бел", включающие не менее 30 генетических маркеров (не менее 30), наиболее высокоинформативных для определения признаков внешности (цвет глаз, не менее двух, включая темные и светлые, и цвет волос, не менее трех, включая темные, светлые, рыжие), по результатам анализа созданных баз данных.</p> <p>Итоговый реестр "Внешность" формируется по результатам подтверждающего анализа расширенной выборки не менее 200 образцов ДНК с известной внешностью из коллекции "Фенотип", не входивших в исследования предыдущих этапов мероприятия (Российская Федерация - не менее 1, Республика Беларусь &lt;2&gt; - не менее 1)</p>	
	<p>Техническая документация для мероприятия 7 по разработке наборов реагентов для технической реализации системы генотипирования на криминалистических образцах ДНК-маркеров внешности (Российская Федерация - не менее 1)</p>	<p>2018 - 2019</p>
<p>Формирование баз данных частот встречаемости</p>	<p>Коллекция образцов ДНК "ДНК-Фенотип-Р" для анализа экзема в рамках</p>	<p>2018</p>

<p>указанных ДНК-маркеров в различных региональных группах населения Союзного государства на основе экспериментального определения генотипов по генетическим локусам, входящих в реестр "Внешность" у индивидов, представляющих популяции Перечня "Генотип"</p>	<p>мероприятия 1, сформированная на основе имеющихся коллекций биологических материалов представителей популяций из Перечня "Фенотип-Р", сопровождаемых для каждого индивида антропологической фотографией в трех проекциях, не менее 500 образцов ДНК (Российская Федерация - не менее 1)</p>	
	<p>Коллекция образцов "ДНК-Фенотип-Бел" для анализа ДНК в рамках мероприятия 1, сформированная из собранных образцов представителей областей Республики Беларусь, в количестве не менее 200 (Республика Беларусь - не менее 1)</p>	<p>2018</p>
	<p>База данных "Экзом-внешность-Р", включающая результаты генетического анализа экзотов методом МПС, проведенного на ДНК от не менее 300 индивидов, для которых установлены цвет глаз (не менее двух, включая темный и светлый) и цвет волос (не менее трех, включая темный, светлый и рыжий) на основе антропологических фотографий в трех проекциях и которые относятся к различным популяциям, полностью охватывающие</p>	<p>2018 - 2019</p>

	Перечень популяций "Фенотип-Р" (Российская Федерация - 1 база данных)	
	База данных "Генотип-внешность-Бел", включающая результаты генетического анализа, проведенного на образцах ДНК не менее 200 индивидов коллекции "ДНК-Фенотип-Бел", для которых установлены цвет глаз и цвет волос (Республика Беларусь - 1 база данных)	2019 - 2020
	База данных "Гены-Внешность-Р", включающая генотипы от не менее 900 индивидов из популяций Перечня "Генотип-Р" (приведен в описании мероприятия 3), по генетическим маркерам внешности (в соответствии с реестром "Внешность"), отражающая разнообразие региональных групп населения Союзного государства по генетическим маркерам внешности (Российская Федерация - не менее 1)	2020
	Свидетельство о государственной регистрации базы данных "Гены-Внешность-Р" (Российская Федерация - не менее 1)	2021
Разработка технической документации и	ДНК-технология определения внешности по ДНК индивида (Российская	2021



<p>апробация ДНК-технологии определения внешности по ДНК индивида на основе разработанных реестров генетических локусов и баз данных генотипов по этим локусам</p>	<p>Федерация - не менее 1)</p>	
	<p>Техническая документация определения вероятной внешности индивида по его генотипу (локусу реестра "Внешность"). Протокол апробации ДНК-технологии, включающий описание обработки полученных экспериментальных результатов и показатели чувствительности и специфичности (Российская Федерация - не менее 1)</p>	<p>2021</p>
	<p>Геногеографический атлас частот встречаемости вариантов генетических локусов, который демонстрирует вариабельность частот генов в региональных группах населения и зависимость чувствительности и специфичности технологии от особенностей региональных генофондов (Российская Федерация - не менее 1)</p>	<p>2021</p>
	<p>Методические рекомендации по применению технологии определения вероятной внешности неизвестного индивида по характеристикам его ДНК (Российская Федерация - не менее 1)</p>	<p>2021</p>
	<p>Научные публикации в журналах, индексируемых в базах данных Web of Science</p>	<p>2019 - 2021</p>

	или Scopus (Российская Федерация - не менее 2, Республика Беларусь - не менее 1)	
	Заявки на охраняемые документы, поданные в патентные ведомства, в том числе патентные ведомства Российской Федерации или Республики Беларусь, или материальные носители с информацией, составляющей ноу-хау (Российская Федерация - не менее 1)	2020

-----  
 <1> Российская Федерация - показатели, достижение которых запланировано российской стороной при реализации Программы.

<2> Республика Беларусь - показатели, достижение которых запланировано белорусской стороной при реализации Программы.

Одновременно с реализацией мероприятия 1 в рамках мероприятий 7 и 8 планируется разработка набора реагентов для определения ДНК-маркеров признаков внешности неизвестного индивида по его ДНК.

## **Мероприятие 2. Разработка методики определения вероятного возраста индивида по характеристике его ДНК**

Целью данного мероприятия является разработка методики определения вероятного возраста неизвестного индивида по образцу его ДНК, полученной из оставленных им биологических следов, на основе анализа прижизненной модификации избранных участков ДНК для получения информации, которая может быть использована в криминалистике для определения возраста этого индивида.

В мире предложено несколько методик определения возраста индивида по уровню прижизненной химической модификации (метилованию) избранных участков его ДНК, отличающихся количеством исследуемых генетических локусов и методом анализа, с заявляемой точностью в среднем до 3 - 12 лет в зависимости от количества используемых в анализе участков и применяемых методик.

Однако применимость указанных методик для определения возраста представителей населения регионов Союзного государства не установлена, а точность этих методов при определении возраста конкретного индивида, а не в среднем по выборке, недостаточна. В целях повышения точности методик определения возраста индивида по уровню метилирования избранных участков ДНК необходимо верифицировать методики на основе известных участков ДНК, в том числе для представителей различных этногеографических групп населения Союзного государства, и выявить новые специфичные для групп населения участки, включение которых в методики повысит точность определения возраста.

В рамках мероприятия 2 планируется выявление химической модификации (метилирования) специфичных участков ДНК, указывающей на возраст неизвестного индивида, происходящего с территории Союзного государства. Выявление эпигенетических маркеров, высокоинформативных для определения возраста индивида, проводится путем экспериментального и биоинформатического анализа метилома не менее 300 индивидов на базе имеющихся у российского исполнителя коллекций образцов ДНК "Возраст-Р" и "Статус-Р", представляющих не менее 4 этногеографических групп коренного населения Российской Федерации с известным местом рождения, этнической принадлежностью и возрастом.

Результаты для каждого индивида представляются в базе данных результатов анализа метилома "Возраст-метилом-Р", а результаты статистического анализа этой базы данных - в подреестре "Метилом-возраст-Р".

В рамках мероприятия 2 будет проведена верификация имеющихся методик определения возраста неизвестного индивида и полученных результатов.

Верификация полученных результатов будет проведена на независимо сформированной группе индивидов в количестве не менее 1300 индивидов разного пола и возраста путем экспериментального определения уровня метилирования выявленных локусов подреестра "Метилом-возраст-Р" и подреестра "Эпиаллели-возраст", сформированного по информации из научных публикаций.

На основе статистической обработки этих данных формируются итоговые реестры "Эпигеном-возраст-Р" и "Эпигеном-возраст-Бел", которые должны быть использованы для разработки статистической модели определения возраста индивида по уровню метилирования избранных участков его ДНК.

Разработанную модель предполагается реализовать в виде компьютерной программы для определения возраста индивида на

основе анализа метилирования избранных участков его ДНК согласно реестрам "Эпигеном-возраст-Р" и "Эпигеном-возраст-Бел" и технической документации по применению разработанной методики. Итоговая информация должна быть представлена в виде достоверной оценки возраста индивида, ДНК которого имеется в распоряжении исполнителя.

Для получения указанного результата будут выполнены следующие научно-исследовательские, опытно-конструкторские и технологические работы:

выявление эпигенетических маркеров, высокоинформативных для определения возраста индивида;

формирование базы данных характеристик метилома представителей разновозрастных групп народонаселения регионов Союзного государства;

разработка метода определения вероятного возраста индивида по характеристике его ДНК и его апробация.

Материалы и информация, используемые для выполнения указанных работ российской стороной, должны соответствовать следующим требованиям:

использование коллекций биологических материалов (или ДНК из них), представляющих не менее 4 этногеографических групп коренного населения Российской Федерации с известным местом рождения, этнической принадлежностью и возрастом, не менее 1350 образцов;

наличие подтверждения научной значимости коллекций таких биологических материалов публикациями с ее использованием в научных журналах из международной базы данных научного цитирования Web of Science;

иметь подтверждение доступности коллекций для реализации работ мероприятия положением о коллекции или другими локальными актами организации - исполнителя мероприятия с перечислением данных коллекций, правом на использование которых обладает организация, либо документом на право использования коллекций для целей мероприятия, полученным от правообладателя этой коллекции или от ее создателя.

Также для выполнения указанных работ предусматривается использование опыта разработки проектов для криминалистической практики, подтвержденного публикациями в научных журналах из международной базы данных научного цитирования Web of Science.

В рамках выполнения указанных работ предусматривается проведение патентных исследований. В отношении разработанной технологии предусматривается введение режима коммерческой тайны соответствующим актом исполнителя.

По результатам проведения указанных работ исполнителем мероприятия разрабатывается методика определения возраста индивида по уровню химической модификации избранных участков его ДНК с оптимальным соотношением количества анализируемых участков ДНК, точности метода и экономической эффективности, техническая документация для криминалистических лабораторий по применению методики.

Ожидаемые результаты, индикаторы, показатели и сроки выполнения работ приведены в таблице 2.

Таблица 2

Наименование работ	Ожидаемые результаты, индикаторы и показатели	Срок выполнения
Выявление эпигенетических маркеров, высокоинформативных для определения возраста индивида	Подреестры эпигенетических маркеров (не менее 12, выявленных на основе анализа научных публикаций), потенциально высокоинформативных для определения возраста индивида (подреестр "Эпиаллели-возраст"), включая тканеспецифичные маркеры возраста, на основе результатов анализа не менее 300 образцов ДНК из коллекций "Возраст-Р" (200 образцов) и "Возраст-Бел" (100 образцов) (Российская Федерация - 1 подреестр, Республика Беларусь - 1 подреестр (тканеспецифичные маркеры))	2017
	Подреестр эпигенетических маркеров	2018 - 2019

	<p>"Метилом-возраст-Р", потенциально высокоинформативных для определения возраста индивидов по итогам анализа метилома не менее 300 образцов из баз данных "Возраст-метилом-Р" (150 образцов) и "Статус-метилом-Р" (150 образцов), не менее 24 маркеров (Российская Федерация - не менее 1)</p>	
	<p>Итоговые реестры эпигенетических маркеров (суммарно не менее 30), наиболее высокоинформативных для определения возраста индивидов (реестры "Эпигеном-Возраст-Р" и "Эпигеном-Возраст-Бел"). Итоговые реестры формируются по результатам подтверждающего анализа баз данных "Возраст-эпигеном-Р" и "Возраст-эпигеном-Бел" (Российская Федерация - не менее 1, Республика Беларусь - не менее 1)</p>	<p>2020</p>
	<p>Коллекция образцов ДНК "Возраст-Р" для анализа эпигенетических маркеров у индивидов из не менее 4 этногеографических российских популяций, представляющих разные</p>	<p>2018</p>

	<p>возрастные группы, не менее 1350 образцов (Российская Федерация - не менее 1)</p>	
	<p>Коллекция образцов ДНК "Возраст-Бел" индивидов, представляющих разные возрастные группы народонаселения Республики Беларусь, не менее 400 образцов (Республика Беларусь - не менее 1)</p>	2018
<p>Формирование базы данных характеристик метилома представителей разновозрастных групп народонаселения регионов Союзного государства</p>	<p>База данных результатов анализа метилома (прижизненных химических модификаций ДНК) "Возраст-метилом-Р" на основе анализа метилома у не менее 150 индивидов из коллекции "Возраст-Р", представляющих разновозрастные группы (Российская Федерация - не менее 1 базы данных)</p>	2019
	<p>Базы данных результатов характера метилирования ДНК "Возраст-эпигеном-Р" и "Возраст-эпигеном-Бел" по маркерам подреестров "Эпиаллели-возраст" и "Метилом-возраст" по результатам анализа не менее 1300 образцов ДНК из коллекций "Возраст-р" и "Возраст-Бел", не входивших в</p>	2020

	исследования предыдущих этапов мероприятия (Российская Федерация - 1 база данных, Республика Беларусь - 1 база данных)	
	Свидетельство государственной регистрации базы данных (Российская Федерация - не менее 1)	2021
Разработка метода определения вероятного возраста индивида по характеристике его ДНК и его апробация	Компьютерная программа для определения возраста индивида по уровню прижизненной модификации (метилирования) избранных участков его ДНК (Российская Федерация - не менее 1)	2021
	Свидетельство о государственной регистрации программы для ЭВМ (Российская Федерация - не менее 1)	2021
	Методика определения вероятного возраста индивида по характеристике эпигенетического статуса его ДНК для криминалистов (Российская Федерация - не менее 1)	2021
	Отчеты о результатах апробации разработанной методики с указанием ее чувствительности и	2021



	специфичности, включая тканеспецифичные маркеры (Российская Федерация - 1 отчет, Республика Беларусь - 1 отчет (включая тканеспецифичные маркеры)	
Разработка технической документации	Техническая документация по определению вероятного возраста индивида по результатам анализа уровня метилирования избранных участков его ДНК, включая порядок проведения анализа уровня метилирования и порядок описания обработки полученных результатов с помощью компьютерного программного обеспечения (Российская Федерация - не менее 1)	2021
	Научные публикации в журналах, индексируемых в базах данных Web of Science или Scopus (Российская Федерация - не менее 2, Республика Беларусь - не менее 1)	2019 - 2021
	Заявки на охраняемые документы, поданные в патентные ведомства, в том числе патентные ведомства Российской Федерации или Республики Беларусь, или	2019 - 2021

	материальные носители с информацией, составляющей ноу-хау (Российская Федерация - не менее 1)	
--	---	--

### **Мероприятие 3. Разработка ДНК-технологии определения наиболее вероятного этногеографического происхождения неизвестного индивида по характеристикам его ДНК**

Целью мероприятия является разработка инновационной комплексной геногеографической технологии, позволяющей определить по характеристике ДНК наиболее вероятное этногеографическое происхождение неизвестного индивида - носителя этой ДНК.

Выявлению подлежат ключевые генетические маркеры, их частоты в популяциях и выявлены наиболее информативные генетические маркеры этногеографического происхождения.

Исследования в рамках мероприятия 3 проводятся на основе имеющихся в распоряжении у российской стороны коллекций не менее чем 20 000 представителей основных групп народонаселения Союзного государства согласно Перечню популяций "Генотип-Р", который состоит из 135 популяционных единиц, представляющих коренное население Союзного государства и основные этнические группы иммигрантов, и формируемой белорусским исполнителем коллекции биологических материалов.

Разработка итоговых реестров ДНК-маркеров, наиболее информативных для определения принадлежности к конкретной этнорегиональной группе носителя ДНК (реестры "Геногеография-Р" и "Геногеография-Бел"), проводится на основе разработанных подреестров для определения происхождения по отцовской линии (подреестр "Y-Р") и по всем генеалогическим линиям (подреестр "А-Р", включающий не менее 50 тысяч аутосомных маркеров).

По всем этим реестрам российская сторона должна сформировать базы данных включенных в них ДНК-маркеров для представителей популяций по Перечню "Генотип-Р".

Технология определения наиболее вероятного этногеографического происхождения индивида по его ДНК должна быть реализована в виде разрабатываемой в рамках мероприятия 3 прикладной компьютерной программы определения геногеографического происхождения. Итоговая информация должна представляться в виде картографических решений, то есть в виде географических карт с указанием на них территорий

наиболее вероятного, менее вероятного происхождения и маловероятного происхождения искомым индивидов. Одновременно технология должна обеспечить получение информации о происхождении индивида как отдельно по отцовской генеалогической линии, так и по всем генеалогическим линиям суммарно. Использование таких карт и информации о происхождении позволит повысить точность идентификации и сузить территорию проведения розыскных действий.

В рамках мероприятия 3 должны быть проведены следующие научно-исследовательские, опытно-конструкторские и технологические работы:

выявление генетических маркеров, высокоинформативных для определения этнографического происхождения индивида;

формирование базы данных о специальных характеристиках генофонда народонаселения регионов Союзного государства, в том числе компьютерной базы данных;

разработка компьютерной геногеографической технологии определения вероятного происхождения неизвестного индивида;

разработка технической документации и апробация ДНК-технологии определения вероятного происхождения неизвестного индивида.

Материалы и информация, используемые для выполнения указанных работ российской стороной, должны соответствовать следующим требованиям:

использование коллекций биологических материалов представителей групп коренного населения Союзного государства, соответствующих Перечню популяций "Генотип-Р", всего не менее 20 000 индивидов. Перечень "Генотип-Р" включает коренное население Союзного государства и основные источники иммиграции и состоит из следующих 135 единиц: абазины, абхазы, аварцы, адыгейцы (Краснодарский край, Республика Адыгея), азербайджанцы, алтайцы, армяне (Краснодарский край, Республика Адыгея, Ростовская область; Республика Армения), балкарцы, башкиры (Республика Башкортостан, Республика Татарстан), белорусы (Брестская область, Витебская область, Гомельская область, Гродненская область, Минская область, Могилевская область), бесермяне, болгары, буряты (Забайкальский край, Иркутская область, Республика Бурятия), вепсы, гагаузы, греки, грузины, даргинцы, дунгане, езиды, ингуши, ишкашимцы, кабардинцы, казахи, кайтагцы, калмыки, караимы, каракалпаки, караногайцы, карачаевцы, карелы, киргизы (Нарынская, Иссык-кульская, Таласская области Киргизии; Горно-Бадахшанская область Таджикистана), кубачинцы, кумыки, курды, лакцы, лезгины, литовцы, молдаване,

монголы (халха, баяд, дурвэд, захчин, уулд), мордва (мокша - Республика Мордовия, эрзя - Республика Мордовия, Нижегородская область, шокша - Республика Мордовия), нанайцы, негидальцы, нивхи, ногайцы (Карачаево-Черкесская Республика, Республика Дагестан), ногайцы астраханские, ногайцы ставропольские, орочи, осетины, русские (Архангельская, Белгородская, Воронежская, Калужская, Костромская, Курская, Новгородская, Орловская, Псковская, Рязанская, Смоленская, Тамбовская, Тверская, Ярославская области), русские (казаки - Ростовская область, Ставропольский край, Республика Адыгея, Кабардино-Балкарская Республика, Карачаево-Черкесская Республика), рушанцы, табасаранцы, таджики (равнинные, горные), татары астраханские, татары казанские, татары крымские, татары кряшены, татары мишари, татары сибирские, тувинцы, тоджинцы, туркмены (Республика Узбекистан; Ставропольский край), удмурты, удэгейцы, узбеки (Ферганская, Хорезмская, Ташкентская области), украинцы (Ивано-Франковская, Львовская, Хмельницкая, Черкасская, Сумская, Черновецкая, Закарпатская, Ровенская, Житомирская, Черниговская, Харьковская, Запорожская области), ульчи, хакасы, хамнегане, цыгане, черкесы, чеченцы (Чеченская Республика, Республика Ингушетия, Республика Дагестан), чуваши (Республика Чувашия, Республика Татарстан), шорцы (Кемеровская область, Республика Хакасия), шугнанцы, эвенки (Республика Бурятия, Хабаровский край), ягнобцы, якуты. Перечень популяций не может быть сокращен, но может быть расширен за счет включения дополнительных популяций, важных для практической работы криминалистов;

наличие подтверждения научной значимости коллекций таких биологических материалов публикациями с ее использованием в научных журналах из международной базы данных научного цитирования Web of Science;

иметь подтверждение доступности коллекций для реализации работ мероприятия положением о коллекции или другими локальными актами организации - исполнителя мероприятия с перечислением данных коллекций, правом на использование которых обладает организация, либо документом на право использования коллекций для целей мероприятия, полученным от правообладателя этой коллекции или от ее создателя.

Также для выполнения указанных работ предусматривается:

использование успешного опыта определения происхождения по отцовской генеалогической линии для решения криминалистических задач, подтвержденного письмами от криминалистических отделов Следственных комитетов или МВД Российской Федерации и Республики Беларусь, или центрального аппарата Государственного

комитета судебных экспертиз Республики Беларусь;

использование опыта научных исследований разработки методов определения происхождения суммарно по всем генеалогическим линиям, подтвержденного публикациями в научных журналах из международной базы данных научного цитирования Web of Science.

В рамках выполнения указанных работ предусматривается проведение патентных исследований. В отношении разработанной технологии предусматривается введение режима коммерческой тайны соответствующим актом исполнителя.

Итогом указанных работ является ДНК-технология и техническая документация для определения этногеографического происхождения неизвестного индивида по характеристикам его ДНК и протоколы апробации разработанной ДНК-технологии для ее применения в криминалистических лабораториях.

Одновременно с реализацией мероприятия 3 в рамках мероприятий 7 и 8 должен разрабатываться стандартный набор реагентов для определения этногеографических ДНК-маркеров в ДНК неизвестного индивида.

Ожидаемые результаты, индикаторы, показатели и сроки выполнения работ приведены в таблице 3.

Таблица 3

Наименование работ	Ожидаемые результаты, индикаторы и показатели	Срок выполнения
Выявление генетических маркеров, высокоинформативных для определения этногеографического происхождения индивида	Подреестр генетических маркеров, потенциально высокоинформативных для определения происхождения по отцовской линии представителей народонаселения Союзного государства и стран - источников миграций, включающий не менее 200 имеющих географическую специфичность Y-хромосомных маркеров	2017

	<p>(подреестр "Y-P"), сформированный на основе биоинформационного анализа нуклеотидных последовательностей Y-хромосомы человека и доступных данных о географическом распространении отдельных маркеров Y-хромосомы из научных публикаций и баз данных (Российская Федерация - не менее 1)</p>	
	<p>Подреестр генетических маркеров, потенциально высокоинформативных для определения происхождения суммарно по всем генеалогическим линиям, включающий не менее 50 тысяч аутомных маркеров (подреестр "A-P") на основе результатов анализа базы данных "Геном-Р" (Российская Федерация - не менее 1)</p>	<p>2018 - 2019</p>
	<p>Итоговые реестры маркеров, наиболее высокоинформативных по результатам анализа созданных баз данных, включающие не менее 5000 маркеров (реестры "Геногеография-Р" и "Геногеография-Бел"). Итоговые реестры формируются по</p>	<p>2019</p>

	результатам подтверждающего анализа баз данных "Y-P", "A-P" и "Ген-Бел" (Российская Федерация - не менее 1, Республика Беларусь - не менее 1)	
	Техническая документация для мероприятия 7 по разработке наборов реагентов для технической реализации системы генотипирования на криминалистических образцах (Российская Федерация - не менее 1)	2020
	Коллекция образцов ДНК для генотипирования (коллекция "ДНК-происхождение-Р") от представителей основных групп народонаселения согласно Перечню популяций "Генотип-Р", не менее 20 000 образцов ДНК (Российская Федерация - не менее 1)	2018
	Коллекция образцов ДНК от представителей основных групп народонаселения Беларуси (коллекция "ДНК-происхождение-Бел"), не менее 1000 образцов ДНК (Республика Беларусь - не менее 1)	2018
Формирование базы	База данных о	2018 - 2019

<p>данных о специальных характеристиках генофонда народонаселения регионов Союзного государства, в том числе компьютерной базы данных</p>	<p>разнообразии народонаселения Союзного государства "Геном-Р" на основе анализа не менее чем 4 млн. генетических маркеров на менее чем 1450 образцах ДНК из коллекции "ДНК-происхождение-Р" (Российская Федерация - не менее 1)</p>	
	<p>База данных о разнообразии народонаселения Республики Беларусь "Ген-Бел" на основе анализа не менее чем 1000 генетических маркеров на менее чем 500 образцах ДНК из коллекции "ДНК-происхождение-Бел" (Республика Беларусь - не менее 1)</p>	<p>2018 - 2019</p>
	<p>База данных о разнообразии народонаселения Союзного государства и стран - источников миграций "А-Р" по маркерам подреестра "А-Р" по результатам анализа образцов ДНК из коллекции "ДНК-происхождение-Р" (не менее 1000 образцов), не входивших в исследования предыдущих этапов мероприятия (Российская</p>	<p>2018 - 2019</p>



	Федерация - не менее 1)	
	База данных о разнообразии народонаселения Союзного государства и стран - источников миграций "Y-R" по маркерам подреестра "Y-R" по результатам анализа образцов ДНК из коллекции "ДНК-происхождение-R" (не менее 20 000 образцов) (Российская Федерация - не менее 1)	2020
	Свидетельство о государственной регистрации базы данных (Российская Федерация - не менее 1)	2021
Разработка компьютерной геногеографической технологии определения вероятного происхождения индивида	Прикладная компьютерная программа геногеографического определения происхождения для практической работы эксперта-криминалиста по составлению двух итоговых карт для анализируемого образца (отцовская линия происхождения и суммарное происхождение по всем предкам) (Российская Федерация - не менее 1)	2021
	Свидетельство о государственной регистрации программы	2021

	для ЭВМ, выданное в соответствии с законодательством Российской Федерации (Российская Федерация - не менее 1)	
Разработка технической документации и испытание ДНК-технологии определения вероятного происхождения неизвестного индивида	ДНК-технология определения вероятного этногеографического происхождения неизвестного индивида по характеристикам его ДНК (Российская Федерация - не менее 1)	2021
	Техническая документация для определения вероятного этногеографического происхождения индивида по его генотипу (маркеры, входящие в реестр "Геногеография-Р"), включающая описание обработки полученных экспериментальных результатов с помощью компьютерной программы (Российская Федерация - не менее 1)	2021
	Методические рекомендации по применению технологии определения наиболее вероятного этногеографического происхождения неизвестного индивида по характеристикам его ДНК (Российская Федерация -	2021

	не менее 1)	
	Научные публикации в журналах, индексируемых в базах данных Web of Science или Scopus (Российская Федерация - не менее 4, Республика Беларусь - не менее 1)	2019 - 2021
	Заявки на охранные документы, поданные в патентные ведомства, в том числе патентные ведомства Российской Федерации или Республики Беларусь, или материальные носители с информацией, составляющей ноу-хау (Российская Федерация - не менее 1)	2020

Одновременно с реализацией мероприятия 3 в рамках мероприятий 7 и 8 разрабатывается набор реагентов для генотипирования избранных маркеров в ДНК, специфичных для населения Союзного государства согласно результатам мероприятия 3.

#### **Мероприятие 4. Разработка технологии ДНК-идентификации и определения популяционной принадлежности неизвестного индивида**

Целью мероприятия является создание технологии ДНК-идентификации и определения популяционной принадлежности неизвестного индивида по его ДНК, в том числе полученной из биологических следов, и создание базы данных по комплексу генетических маркеров, дифференцирующих генофонды популяций населения Союзного государства для получения информации, которая может быть использована в криминалистике.

Проведенные ранее исследования, в том числе изучение некоторых популяций в Российской Федерации и Республике Беларусь и возможность определения популяционной принадлежности индивида,

определяются генетическим разнообразием населения и требуют выявления частот аллелей, индивидуализирующих и дифференцирующих параметров систем ДНК-маркеров в популяциях основных групп населения, что также является международной нормой для стран с полиэтничным населением.

Для выявления генетических маркеров, наиболее информативных для дифференциации генофондов основных популяций (этнорегиональных групп) населения Союзного государства, должны быть разработаны базы данных, отражающие генетические характеристики индивидов в исследуемых популяциях, и реестры генетических маркеров. В реестр "Популяционная принадлежность" включаются ДНК-маркеры с максимальной способностью дифференцировать популяции, а в реестр "Идентификация" - ДНК-маркеры с максимальной способностью определять принадлежность биологического материала конкретному индивиду при наличии его ДНК для сравнения, вне зависимости от его популяционной принадлежности. По результатам реализации мероприятия должны быть созданы референсные базы данных по частотам встречаемости выявленных ДНК-маркеров в популяциях Союзного государства, на которых основывается разработка методического руководства для определения популяционной принадлежности неизвестного индивида по комплекту генетических маркеров, входящих в реестр "Популяционная принадлежность".

В отличие от мероприятия 3 исследования в рамках мероприятия 4 проводятся с меньшей глубиной геномного разрешения, но на более широком круге популяций с особым вниманием к малочисленным народам. Для целей обеспечения совместимости с ранее накопленными базами ДНК-профилей референсные базы должны также включать ранее использовавшиеся криминалистами данные по STR-маркерам (стандарт "CODIS").

Итоговая информация будет представлена в виде вывода о наиболее вероятной популяционной принадлежности неизвестного индивида для использования при его идентификации при отсутствии ДНК для сравнения и в виде заключения о результатах ДНК-идентификации биологического образца при наличии ДНК для сравнения.

В рамках мероприятия 4 должны быть выполнены следующие научно-исследовательские, опытно-конструкторские и технологические работы:

выявление генетических маркеров, наиболее информативных для дифференциации генофондов основных этнорегиональных групп населения Союзного государства и ДНК-идентификации индивида;

создание референсных баз данных по частотам встречаемости

выявленных ДНК-маркеров в популяциях Союзного государства;

разработка ДНК-технологии ДНК-идентификации и определения популяционной принадлежности неизвестного индивида;

разработка методики анализа ДНК, полученной из смешанных следов, с целью определения пола, вероятной внешности, вероятной этногеографической и популяционной принадлежности и количества неизвестных индивидов.

Для выполнения указанных работ предусматривается:

использование успешного опыта проведения ДНК-идентификации и определения происхождения для решения криминалистических задач, подтвержденного письмами от криминалистических отделов Следственных комитетов или Министерства внутренних дел Российской Федерации или Республики Беларусь, центрального аппарата Государственного комитета судебных экспертиз Республики Беларусь;

использование опыта научных исследований в области популяционной генетики человека, подтвержденного публикациями в научных журналах из международной базы данных научного цитирования Web of Science;

подтверждение доступности коллекций для реализации работ мероприятия положением о коллекции или другими локальными актами организации - исполнителя мероприятия с перечислением данных коллекций, правом на использование которых обладает организация, либо документом на право использования коллекций для целей мероприятия, полученным от правообладателя этой коллекции или от ее создателя.

В рамках выполнения указанных работ предусматривается проведение патентных исследований. В отношении разработанной технологии предусматривается введение режима коммерческой тайны соответствующим актом исполнителя.

Ожидаемые результаты, индикаторы, показатели и сроки выполнения работ приведены в таблице 4.

Таблица 4

Наименование работ	Ожидаемые результаты, индикаторы и показатели	Срок выполнения
Выявление генетических маркеров, наиболее	Базы данных частот ДНК-маркеров мужских линий генофондов "Y-популяция-	2017 - 2018

информативных для дифференциации генофондов основных этнорегиональных групп населения Союзного государства и ДНК-идентификации индивида	Р" и "Y-популяция-Бел" на основе анализа не менее 30 маркеров на не менее 3000 образцах из коллекции "ДНК-популяция-Р" и не менее 300 образцах из коллекции "ДНК-популяция-Бел" (Российская Федерация - не менее 1, Республика Беларусь - не менее 1)	
	Подреестры ДНК-маркеров дифференциации генофондов популяций по мужским линиям "Y-популяция-Р" и "Y-популяция-Бел", сформированные по результатам анализа баз данных "Y-популяция-Р" и "Y-популяция-Бел", не менее 30 маркеров каждый (Российская Федерация - не менее 1, Республика Беларусь - не менее 1)	2017 - 2018
	Коллекция ДНК, представляющая население регионов Российской Федерации ("ДНК-популяция-Р"), представляющая не менее 60 популяций, не менее 5000 образцов (Российская Федерация - не менее 1)	2017 - 2018
	Коллекция образцов ДНК, представляющая население регионов Республики Беларусь "ДНК-популяция-Бел", не менее 500 образцов	2018

	(Республика Беларусь - не менее 1)	
	Базы данных "CODIS-Р" и "CODIS-Бел" частот вариантов генов в популяциях населения Союзного государства по аутосомным микросателлитным ДНК-маркерам, входящим в состав стандарта "CODIS" и коммерческих систем аутосомных STR-маркеров (не менее 16 маркеров), на не менее 2000 образцах коллекции "ДНК-популяция-Р" и на не менее 200 образцах коллекции "ДНК-популяция-Бел" (Российская Федерация - не менее 1, Республика Беларусь - не менее 1)	2020
	База данных частот ДНК-маркеров дифференциации генофондов в популяциях населения Союзного государства "Популяция-геном-Р", сформированная на основе данных полногеномного генотипирования не менее 100 тыс. генетических маркеров на не менее 1500 образцах коллекции "ДНК-популяция-Р" с включением индивидов из не менее 30 популяций (Российская Федерация - не менее 1)	2018
	Подреестр "Геном-	2018

	<p>популяция-Р" ДНК-маркеров, сформированный по результатам анализа базы данных "Популяция-геном-Р", не менее 1000 маркеров (Российская Федерация - не менее 1)</p>	
	<p>База данных результатов анализа экзотов "Популяция-экзом-Р", сформированная на основе данных полноэкзомного секвенирования не менее 300 образцов из коллекции "ДНК-популяция-Р" (Российская Федерация - не менее 1)</p>	<p>2019</p>
	<p>Подреестр "Экзом-популяция-Р" ДНК-маркеров дифференциации генофондов в популяциях населения Российской Федерации, сформированный по результатам анализа базы данных "Популяция-экзом-Р", не менее 500 маркеров (Российская Федерация - не менее 1)</p>	<p>2019</p>
	<p>Итоговые реестры ДНК-маркеров ("Идентификация-Р", "Популяционная принадлежность-Р", "Популяционная принадлежность-Бел"), наиболее информативных для ДНК-идентификации и определения популяционной</p>	<p>2019</p>



	<p>принадлежности неизвестного индивида, сформированные на основе биоинформатического и статистического анализа баз данных по подреестрам "Y-популяция-R", "Y-популяция-Бел", "Геном-популяция-R" и "Экзом-популяция-R", не менее 500 маркеров каждый</p>	
	<p>Техническая документация для мероприятия 7 по разработке наборов реагентов для технической реализации системы генотипирования по ДНК-маркерам сформированных реестров на криминалистических биологических материалах (Российская Федерация - не менее 2, Республика Беларусь - не менее 1)</p>	2020
<p>Создание референсных баз данных по частотам встречаемости выявленных ДНК-маркеров в популяциях Союзного государства</p>	<p>Референсные базы данных по маркерам мужской части генофонда для ДНК-идентификации и определения популяционной принадлежности неизвестного индивида ("Y-референс-R" и "Y-референс-Бел"), не менее 30 маркеров каждая (Российская Федерация - не менее 1, Республика Беларусь - не менее 1)</p>	2020
	<p>Референсная база данных по</p>	2020

	STR-маркерам, входящим в состав стандарта "CODIS" и коммерческих систем аутосомных STR-маркеров ("КОДИС-Р" и "КОДИС-Бел"), не менее 15 маркеров каждая (Российская Федерация - не менее 1, Республика Беларусь - не менее 1)	
	Референсная база данных по панели маркеров, наиболее информативных для ДНК-идентификации и определения популяционной принадлежности неизвестного индивида, "Популяция-референс-Р", не менее 100 маркеров (Российская Федерация - не менее 1)	2021
	Свидетельство о государственной регистрации баз данных (Российская Федерация - не менее 3)	2021
Разработка ДНК-технологии ДНК-идентификации и определения популяционной принадлежности неизвестного индивида	ДНК-технология ДНК-идентификации и определения популяционной принадлежности индивида (Российская Федерация - не менее 1)	2021
	Техническая документация по применению разработанной ДНК-технологии ДНК-идентификации и	2021

	определения популяционной принадлежности неизвестного индивида по набору генетических маркеров (Российская Федерация - не менее 1)	
	Методические рекомендации по применению ДНК-технологии ДНК-идентификации и определения популяционной принадлежности неизвестного индивида (Российская Федерация - не менее 1)	2021
	Инструкции по применению методики анализа ДНК, полученной из смешанных следов, с целью определения пола, вероятной внешности, вероятной этногеографической и популяционной принадлежности и количества неизвестных индивидов (Республика Беларусь - не менее 1)	2019 - 2021
	Научные публикации в журналах, индексируемых в базах данных Web of Science или Scopus (Российская Федерация - не менее 2, Республика Беларусь - не менее 1)	2019 - 2021
	Заявки на охранные	2021

	документы, поданные в патентные ведомства, в том числе патентные ведомства Российской Федерации или Республики Беларусь, или материальные носители с информацией, составляющей ноу-хау (Российская Федерация - не менее 1)	
--	--	--

Одновременно с реализацией мероприятия 4 в рамках мероприятия 7 разрабатывается набор реагентов для генотипирования избранных генетических маркеров в ДНК для ДНК-идентификации и определения популяционной принадлежности согласно технологии, разработанной в рамках мероприятия 4.

## Раздел Б

Мероприятия по решению задачи Б "Разработка методик определения прижизненной модификации ДНК и геномных технологий определения риска широко распространенных заболеваний (сердечно-сосудистых, эндокринных, аутоиммунных, костно-мышечных, онкологических и некоронарогенных заболеваний сердца), а также генетической компоненты психоэмоционального статуса человека для применения в криминалистике" включают в себя мероприятия 5 - 6.

### **Мероприятие 5. Разработка методики определения статуса генетических локусов и прижизненной модификации участков ДНК, влияющих на психоэмоциональный статус человека**

Целью мероприятия является разработка инновационной методики, позволяющей оценить генетическую компоненту психоэмоционального статуса личности, связанную с психоэмоциональным статусом прижизненную модификацию участков ДНК.

Выявлению подлежат ключевые генетические маркеры и их варианты, влияющие на психоэмоциональный статус (генетические маркеры риска развития личностных расстройств и девиантного поведения, включая суициды, пограничные состояния, и ряда нозологий, таких как депрессии, посттравматические расстройства, психосоматические нарушения, алкогольная зависимость), их частоты в

популяциях, представляющих население Союзного государства, а также выявляются избранные участки ДНК, прижизненная химическая модификация (метилирование) которых связана с устойчивостью к стрессу, риском суицида, злоупотреблением алкоголем. При этом анализ экзома и анализ метилома проводятся для одних и тех же индивидов, а верификация выявленных генетических и эпигенетических маркеров - на другой группе людей.

Для проведения исследования в рамках мероприятия 5 российской стороной будут использоваться уже имеющиеся коллекции биологических материалов индивидов, охарактеризованных по показателям психоэмоционального статуса, а белорусской стороной - вновь собранные биологические материалы.

В коллекции "ДНК-статус-Р" и "ДНК-статус-Бел" подлежат включению образцы ДНК индивидов, охарактеризованных по особенностям психоэмоционального статуса, представляющих основные этнорегиональные группы народонаселения Союзного государства, включая лиц с девиантным поведением (в том числе совершивших преступления против личности, включая убийства), незавершенным суицидом и рядом нозологий (СДВГ, депрессии, неврозы, посттравматические расстройства, психосоматические нарушения).

Биологические образцы (образцы ДНК) из коллекции "ДНК-статус-Р" должны быть использованы для экспериментального анализа экзома и метилома, результаты которого вносятся в базы данных "Экзом-статус-Р" и "Метилом-статус-Р". На основе биоинформационного и статистического анализа этих баз данных подлежат формированию подреестры генетических ("Экзом-статус-Р") и эпигенетических ("Метилом-статус-Р") маркеров, связанных с психоэмоциональным статусом человека.

Кроме того, анализ коллекций "ДНК-статус-Р" и "ДНК-статус-Бел" проводится по генетическим и эпигенетическим маркерам подреестров "Ген-статус-Р", "Ген-статус-Бел" и "Эпиген-статус-Р", "Эпиген-статус-Бел", выявленным по данным научных публикаций.

Верификация полученных экспериментальных результатов проводится на расширенной выборке индивидов с определением чувствительности и специфичности для каждого выявленного локуса. По результатам верификации должны быть сформированы итоговые реестры генетических (реестры "Статус-геном-Р" и "Статус-геном-Бел") и эпигенетических (реестры "Статус-эпигеном-Р" и "Статус-эпигеном-Бел") маркеров, связанных с психоэмоциональными характеристиками человека. Для ДНК-маркеров реестра "Статус-геном-Р" будут определены частоты распространения аллелей в популяциях Российской

Федерации.

Результатом реализации мероприятия является методика определения статуса генетических локусов и прижизненной модификации ДНК, позволяющая оценить вероятность наличия изучаемых признаков у индивида по его ДНК, включая посмертное определение по ДНК индивида вероятности суицида и злоупотребления алкоголем.

Кроме того, подлежат выявлению комплексы метаболитов, влияющие на психоэмоциональный статус (такой как уровень агрессии) и внешне наблюдаемые признаки на основе масс-спектрометрического и спектрального анализа для определения меланина, модифицированных форм белков и пептидов, а также гормонов, влияющих на рост и психоэмоциональные характеристики индивидов для уточнения фенотипа и идентификации конкретной личности.

В рамках мероприятия 5 планируется выполнить следующие научно-исследовательские работы:

- выявление генетических и эпигенетических маркеров, высокоинформативных для определения психоэмоционального статуса индивида;

- верификация выявленных генетических и эпигенетических маркеров на расширенной выборке;

- формирование базы данных частот встречаемости выявленных ДНК-маркеров в разных этногеографических группах населения Союзного государства;

- выявление комплексов метаболитов, влияющих на психоэмоциональный статус;

- разработка методики определения биологических составляющих психоэмоционального статуса индивида по характеристике его ДНК и метаболитов.

Материалы и информация, используемые для выполнения указанных работ российской стороной, должны соответствовать следующим требованиям:

- использование коллекций биологических материалов или ДНК, из них не менее 3000 образцов от индивидов, охарактеризованных по особенностям психоэмоционального статуса;

- наличие подтверждения научной значимости коллекций таких биологических материалов публикациями с их использованием в научных журналах из международной базы данных научного цитирования Web of Science;

- иметь подтверждение доступности коллекций для реализации работ мероприятия положением о коллекции или другими локальными актами организации - исполнителя мероприятия с перечислением данных

коллекций, правом на использование которых обладает организация, либо документом на право использования коллекции для целей мероприятия, полученным от правообладателя этой коллекции или от ее создателя.

Также для выполнения указанных научно-исследовательских работ предусматривается использовать успешный опыт проведения исследований в области популяционной генетики человека, подтвержденный публикациями в научных журналах из международной базы данных научного цитирования Web of Science.

В рамках выполнения указанных работ предусматривается проведение патентных исследований. В отношении разработанной технологии предусматривается введение режима коммерческой тайны соответствующим актом исполнителя.

Ожидаемые результаты, индикаторы, показатели и сроки выполнения работ приведены в таблице 5.

Таблица 5

Наименование работ	Ожидаемые результаты, индикаторы и показатели	Срок выполнения
Выявление генетических и эпигенетических маркеров, высокоинформативных для определения психоэмоционального статуса индивида	Коллекция образцов ДНК индивидов "ДНК-статус-Р", охарактеризованных по особенностям психоэмоционального статуса, включая лиц с личностными расстройствами, девиантным поведением, внесенная в электронную базу данных с анонимным описанием каждого индивида и включающая необходимые для исследования характеристики, не менее 3000 образцов (Российская Федерация - не менее 1)	2017
	Коллекция образцов ДНК	2017 - 2019

	<p>индивидов "ДНК-статус-Бел", представляющая население Республики Беларусь, охарактеризованных по особенностям психоэмоционального статуса, включая лиц с личностными расстройствами, девиантным поведением, не менее 500 образцов ДНК (Республика Беларусь - не менее 1)</p>	
	<p>Подреестры генов "Ген-статус-Р" и "Ген-статус-Бел", отвечающих за формирование определенных психоэмоциональных качеств, сформированные по результатам анализа научных публикаций, не менее 25 генетических локусов (Российская Федерация - не менее 1, Республика Беларусь - не менее 1)</p>	<p>2017</p>
	<p>Подреестры генетических локусов "Эпиген-статус-Р" и "Эпиген-статус-Бел", метилирование которых связано с психоэмоциональным статусом индивида, сформированные по результатам анализа научных публикаций, не менее 25 маркеров (Российская Федерация -</p>	<p>2017</p>



	не менее 1, Республика Беларусь - не менее 1)	
	База данных "Экзом-статус-Р", сформированная по результатам анализа экзоба не менее 400 индивидов из коллекции образцов ДНК "ДНК-статус-Р" (Российская Федерация - не менее 1)	2018
	База данных "Метиллом-статус-Р", сформированная по результатам анализа метилома не менее 300 индивидов из коллекции образцов ДНК "ДНК-статус-Р" (Российская Федерация - не менее 1)	2020
	Подреестр ДНК-маркеров "Экзом-статус-Р", сформированный на основе анализа базы данных "Экзом-статус-Р", не менее 10 маркеров (Российская Федерация - не менее 1)	2019 - 2020
	Подреестр генетических локусов "Метиллом-статус-Р", сформированный на основе анализа базы данных "Метиллом-статус-Р", не менее 35 маркеров (Российская Федерация - не менее 1)	2019 - 2020
	Базы данных результатов генотипирования "Ген-	2019

	<p>статус-1Бел" по не менее 25 маркерам подреестра "Ген-статус-Бел" по результатам анализа не менее 250 образцов ДНК из коллекции "ДНК-статус-Бел" (Республика Беларусь - не менее 1)</p>	
	<p>Базы данных результатов генотипирования "Эпиген-статус-1Бел" по не менее 25 маркерам подреестра "Эпиген-статус-Бел" по результатам анализа не менее 250 образцов ДНК из коллекции "ДНК-статус-Бел" (Республика Беларусь - не менее 1)</p>	2020
<p>Верификация выявленных генетических и эпигенетических маркеров на расширенной выборке</p>	<p>База данных результатов генотипирования "Геном-статус-Р" по маркерам подреестров "Экзом-статус-Р" и "Ген-статус-Р" по результатам анализа не менее 1000 образцов ДНК из коллекции "ДНК-статус-Р", не входивших в исследования предыдущих этапов мероприятия (Российская Федерация - не менее 1)</p>	2019 - 2020
	<p>Базы данных результатов генотипирования "Ген-статус-2Бел" по не менее 5 высокоинформативным маркерам подреестра "Ген-статус-Бел" по результатам анализа не менее 250 образцов ДНК</p>	2020

	из коллекции "ДНК-статус-Бел" (Республика Беларусь - не менее 1)	
	База данных результатов генотипирования "Эпигеном-статус-Р" по маркерам подреестров "Метилом-статус-Р" и "Эпиген-статус-Р" по результатам анализа не менее 1000 образцов ДНК из коллекции "ДНК-статус-Р", не входивших в исследования предыдущих этапов мероприятия (Российская Федерация - не менее 1)	2020
	Базы данных результатов генотипирования "Эпигеном-статус-2Бел" по не менее 3 высокоинформативным маркерам подреестра "Эпигенен-статус-Бел" по результатам анализа не менее 250 образцов ДНК из коллекции "ДНК-статус-Бел" (Республика Беларусь - не менее 1)	2020
	Итоговые реестры ДНК-маркеров, наиболее высокоинформативных для определения психоэмоционального статуса индивидов, "Статус-геном-Р" и "Статус-ген-Бел", сформированные по результатам анализа баз	2020

	<p>данных "Геном-статус-Р" и "Ген-статус-Бел" соответственно, не менее 10 маркеров (Российская Федерация - не менее 1, Республика Беларусь - не менее 1)</p>	
	<p>Итоговые реестры ДНК-маркеров, наиболее высокоинформативных для определения психоэмоционального статуса индивидов, "Статус-эпигеном-Р" и "Статус-эпиген-Бел", сформированные по результатам анализа баз данных "Эпигеном-статус-Р" и "Эпиген-статус-Бел" соответственно, не менее 30 маркеров (Российская Федерация - не менее 1, Республика Беларусь - не менее 1)</p>	2020
<p>Формирование базы данных частот встречаемости выявленных ДНК-маркеров в разных этногеографических группах населения Союзного государства</p>	<p>База данных частот встречаемости ДНК-маркеров итогового реестра "Статус-геном-Р" на основе анализа не менее 1600 образцов ДНК из коллекции "ДНК-статус-Р", не входивших в исследования предыдущих этапов мероприятия, индивидов не менее чем 7 этнических групп (Российская Федерация - не менее 1)</p>	2020
<p>Выявление комплексов</p>	<p>База данных о спектре и</p>	2017 - 2019

<p>метаболитов, влияющих на психоэмоциональный статус</p>	<p>концентрации метаболитов, связанных с психоэмоциональным статусом и внешне наблюдаемыми признаками индивида, не менее чем 300 индивидов (Российская Федерация - не менее 1)</p>	
	<p>Реестр метаболитов, связанных с психоэмоциональным статусом и внешне наблюдаемыми признаками индивида, с указанной чувствительностью и специфичностью для концентрации каждого выявленного метаболита (Российская Федерация - не менее 1)</p>	<p>2020 - 2021</p>
	<p>Свидетельство о государственной регистрации разработанных баз данных (Российская Федерация - не менее 1)</p>	<p>2021</p>
<p>Разработка методики определения биологических составляющих психоэмоционального статуса индивида по характеристике его ДНК и метаболитов</p>	<p>Методика определения биологических составляющих психоэмоционального статуса индивида на основе исследования генетического и эпигенетического статуса его ДНК-маркеров и метаболитов (Российская Федерация - не менее 3)</p>	<p>2021</p>

	Техническая документация для применения разработанных методик с указанием чувствительности и специфичности (Российская Федерация - не менее 3)	2021
	Научные публикации в журналах, индексируемых в базах данных Web of Science или Scopus (Российская Федерация - не менее 2, Республика Беларусь - не менее 1)	2019 - 2021
	Заявки на охраняемые документы, поданные в патентные ведомства, в том числе патентные ведомства Российской Федерации или Республики Беларусь, или материальные носители с информацией, составляющей ноу-хау (Российская Федерация - не менее 1)	2020 - 2021

**Мероприятие 6. Определение генетических механизмов риска широко распространенных заболеваний (сердечно-сосудистых, эндокринных, аутоиммунных, костно-мышечных, онкологических и некоронарогенных заболеваний сердца), а также разработка геномных технологий выявления их ДНК-маркеров для применения в криминалистике**

Целью мероприятия 6 в криминалистическом аспекте является создание базы данных по ДНК-маркерам широко распространенных заболеваний (сердечно-сосудистых, эндокринных, аутоиммунных, костно-мышечных, онкологических и некоронарогенных заболеваний)

сердца). Предполагается, что сочетание таких ДНК-маркеров в любом биологическом следе с места события станет для криминалистики индивидуализирующей по ДНК характеристикой человека. Поскольку медицинская база данных охватит со временем гораздо большую долю населения, чем собственно криминалистические базы данных по особенностям ДНК, то это может оказаться важным дополнением для криминалистов, особенно при ДНК-идентификации жертв преступлений и катастроф, которые по своей социальной истории не попадут в собственно криминалистические базы данных.

В рамках мероприятия подлежат разработке геномные технологии, предназначенные для оценки риска развития не менее 8 нозологий широко распространенных мультифакториальных заболеваний на основе определения состояния не менее 60 наиболее информативных генетических маркеров.

Научно-исследовательские работы по этому мероприятию проводятся белорусскими организациями.

В рамках мероприятия должны быть выполнены следующие работы, основанные на выявлении и использовании ДНК-маркеров широко распространенных заболеваний для целей криминалистики:

- разработка технологии выявления генетического риска эндокринных заболеваний;

- определение генетического риска заболеваний тромбогенного характера;

- генетические аспекты заболеваний костно-мышечной системы;

- молекулярно-генетическая оценка риска аутоиммунных заболеваний;

- разработка технологии выявления риска онкологических заболеваний на основе эпигенетических и молекулярно-генетических маркеров;

- выявление ДНК-маркеров риска некоронарогенных заболеваний сердца.

При выполнении работ указанного мероприятия белорусской стороной используются ранее собранные биологические образцы. При выполнении работ указанные образцы подлежат систематизации в коллекцию. В случае необходимости при выполнении белорусской части Программы могут быть собраны биологические образцы для дополнения коллекции.

Указанные работы проводятся в соответствии с требованиями законодательства Республики Беларусь о защите персональных данных.

Целью работы 6.1 "Разработка ДНК-технологии выявления генетического риска эндокринных заболеваний" является получение эффективной и конкурентоспособной технологии определения риска

развития разных вариантов сочетанных эндокринных заболеваний, основанной на оценке фенотипических, биохимических, молекулярно-генетических особенностей конкретного индивидуума, принадлежащего к населению Союзного государства.

Итоговая информация представляется в виде оценки по ДНК-маркерам риска развития заболевания с учетом фенотипических и биохимических особенностей индивидуума, повышающих вероятность его попадания в медицинские базы данных по этим заболеваниям.

В рамках работы 6.1 будут осуществлены научно-исследовательские работы по следующим направлениям:

выявление наиболее информативных молекулярно-генетических маркеров, ассоциированных с повышенным риском развития сочетанных эндокринных заболеваний, определяющих индивидуальную чувствительность пациентов к фармакологическим препаратам;

создание базы данных, включающей результаты клинического и инструментально-лабораторного обследования, а также генетического тестирования пациентов с сочетанными эндокринными заболеваниями и группы сравнения;

разработка протоколов оценки индивидуального риска развития сочетанных эндокринных заболеваний на основании результатов комплексного клинического и генетического анализа пациента.

Ожидаемые результаты, индикаторы, показатели и сроки выполнения работы приведены в таблице 6.1.

Таблица 6.1

Направление работ	Ожидаемые результаты, индикаторы и показатели	Срок выполнения
Создание базы данных, включающей результаты клинического и инструментально-лабораторного обследования, а также молекулярно-генетического тестирования пациентов с сочетанными	Анкета участника исследования, содержащая критерии включения в исследование, форму информированного согласия пациента (Республика Беларусь - не менее 1)	2017
	Коллекция биологического материала лиц, включенных в группу сравнения (не менее 200 индивидов) (Республика Беларусь - не менее 1)	2018 - 2019



эндокринными заболеваниями и группы сравнения	Коллекция биологического материала лиц с различными вариантами сочетанных эндокринных заболеваний из различных регионов Республики Беларусь (не менее 100 для каждой подгруппы) (Республика Беларусь - не менее 1)	2018 - 2019
	Массив данных с результатами клинического и инструментально-лабораторного обследования групп исследования и группы сравнения (Республика Беларусь - не менее 1)	2018 - 2020
	База данных, включающая результаты клинического и инструментально-лабораторного обследования, а также молекулярно-генетического тестирования отобранных групп (Республика Беларусь - не менее 1)	2019 - 2021
Выявление наиболее информативных молекулярно-генетических ДНК-маркеров, ассоциированных с повышенным риском развития сочетанных эндокринных заболеваний, определяющих индивидуальную чувствительность пациентов к	Реестр молекулярно-генетических маркеров (не менее 20), ассоциированных с повышенным риском развития сочетанных эндокринных заболеваний (метаболический синдром, диабет 2-го типа, инсулинрезистентность, аутоиммунные полигландулярные синдромы), протоколы тестирования отобранных молекулярно-генетических	2017 - 2018

фармакологическим препаратам	маркеров (Республика Беларусь - не менее 1)	
	Реестр молекулярно-генетических ДНК-маркеров (не менее 10), определяющих индивидуальную чувствительность пациентов к фармакологическим препаратам, протоколы тестирования отобранных молекулярно-генетических ДНК-маркеров (Республика Беларусь - не менее 1)	2018
	Реестр молекулярно-генетических маркеров (не менее 15), влияющих на эффективность применения методов реабилитации пациентов с сочетанными эндокринными заболеваниями, протоколы тестирования отобранных молекулярно-генетических маркеров (Республика Беларусь - не менее 1)	2019
Разработка протоколов оценки индивидуального риска развития сочетанных эндокринных заболеваний на основании результатов комплексного клинического и генетического тестирования пациента	ДНК-технология определения риска развития разных вариантов сочетанных эндокринных заболеваний, основанная на оценке фенотипических, биохимических, молекулярно-генетических особенностей человека (Республика Беларусь - не менее 1)	2020 - 2021
	Проект протокола оценки индивидуальной чувствительности пациентов	2020 - 2021

	к фармакологическим препаратам на основе результатов молекулярно-генетического тестирования (Республика Беларусь - не менее 1)	
	Методика применения ДНК-маркеров для оценки вероятной эффективности методов реабилитации пациентов с сочетанными эндокринными заболеваниями (Республика Беларусь - не менее 1)	2020 - 2021
	Инструкция по применению, содержащая протоколы тестирования наиболее информативных молекулярно-генетических маркеров и алгоритм определения риска развития заболевания, учитывающий фенотипические, биохимические, молекулярно-генетические особенности пациента (Республика Беларусь - не менее 1)	2021

Целью работы 6.2 "Определение генетического риска заболеваний тромбогенного характера" является разработка инновационной ДНК-технологии, позволяющей определить индивидуальный генетический риск развития заболеваний тромбогенного характера (не менее 3 нозологий) по ДНК исследуемого индивида.

Итоговая информация представляется в виде оценки генетического риска заболеваний тромбогенного характера (инфаркта миокарда, инсульта, тромбоэмболии легочных артерий), а также в виде индивидуальных генетических паспортов с указанием исследованных маркеров, их аллельных вариантов и расчетом относительного риска заболеваний.

В рамках работы 6.2 будут осуществлены научно-

исследовательские работы по следующим направлениям:

выявление генетических маркеров риска возникновения заболеваний тромбогенного характера (не менее 3 нозологий);

формирование базы данных частот встречаемости неблагоприятных аллельных вариантов генов в группах пациентов и в группе сравнения;

выявление генетических маркеров, заболеваний тромбогенного характера;

подготовка инструкции по применению по молекулярно-генетической диагностике заболеваний тромбогенного характера.

Ожидаемые результаты, индикаторы, показатели и сроки выполнения работы приведены в таблице 6.2.

Таблица 6.2

Направление работ	Ожидаемые результаты, индикаторы и показатели	Срок выполнения
Выявление наиболее информативных генетических маркеров риска возникновения заболеваний тромбогенного характера	Реестр генетических маркеров риска возникновения заболеваний тромбогенного характера (Республика Беларусь - не менее 1)	2017 - 2018
	Банк ДНК пациентов и контрольной группы, не менее 200 образцов ДНК (Республика Беларусь - не менее 1)	2020
	Итоговый реестр высокоинформативных генетических маркеров риска развития заболеваний тромбогенного характера (Республика Беларусь - не менее 1)	2021
Формирование базы данных частот неблагоприятных аллельных вариантов генов в группах	Массив данных генотипирования пациентов и группы сравнения (Республика Беларусь - не менее 1)	2020

пациентов и в группе сравнения	База данных, включающая клиническую и генетическую информацию о пациентах и группе сравнения. Система хранения, фильтрации и выгрузки данных (Республика Беларусь - не менее 1)	2020
	База данных частот встречаемости аллельных вариантов генов, оказывающих наибольшее влияние на риск возникновения заболеваний, в группах пациентов и в группе сравнения (Республика Беларусь - не менее 1)	2021
Выявление аллельных вариантов генов заболеваний тромбогенного характера	Реестр аллельных вариантов генов, определяющих заболевания тромбогенного характера (Республика Беларусь - не менее 1)	2019
	Инструкция по применению по молекулярно-генетической диагностике заболеваний тромбогенного характера (Республика Беларусь - не менее 1)	2021

Целью работы 6.3 "Генетические аспекты заболеваний костно-мышечной системы" является разработка инновационной ДНК-технологии, позволяющей с помощью современных молекулярно-генетических методов анализа ДНК выявить наиболее информативные варианты генов, регулирующих процессы костного метаболизма, и оценить риск развития заболеваний костно-мышечной системы.

Итоговая информация представляется в виде инструкции по применению по оценке риска развития тяжелого остеопороза на

основании тестирования наиболее информативных генетических маркеров исследуемого индивидуума, ассоциированных с метаболизмом костной ткани с учетом клинических и инструментально-лабораторных показателей.

В рамках работы 6.3 будут осуществлены научно-исследовательские работы по следующим направлениям:

выявление наиболее информативных генетических маркеров, ассоциированных с повышенным риском развития заболеваний костно-мышечной системы;

формирование базы данных, включающей результаты тестирования генетических маркеров, ассоциированных с метаболизмом костной ткани, клинические и лабораторно-инструментальные показатели;

разработка методик оценки индивидуального риска заболеваний костно-мышечной системы на основании комплексного тестирования генетических маркеров, ассоциированных с метаболизмом костной ткани.

Ожидаемые результаты, индикаторы, показатели и сроки выполнения работы приведены в таблице 6.3.

Таблица 6.3

Направление работ	Ожидаемые результаты, индикаторы и показатели	Срок выполнения
Выявление наиболее информативных генетических маркеров, ассоциированных с повышенным риском развития заболеваний костно-мышечной системы	Критерии включения в исследование, форма информированного согласия (Республика Беларусь - не менее 1)	2017
	Характеристика мутационной изменчивости экзона генов коллагена I типа среди пациентов с несовершенным остеогенезом (не менее 70 пациентов) (Республика Беларусь - не менее 1)	2018 - 2020
	База данных результатов генотипирования, а также клинических и лабораторно-	2018 - 2020

	инструментальных показателей пациентов с болезнями костно-мышечной системы (не менее 200 человек) и группы сравнения (не менее 200 человек) по генетическим маркерам, ассоциированным с метаболизмом костной ткани (не менее 25 маркеров) (Республика Беларусь - не менее 1)	
	Массив данных анализа взаимосвязи результатов генотипирования с результатами клинического и лабораторно-инструментального обследования для выявления наиболее информативных генетических маркеров (Республика Беларусь - не менее 1)	2019 - 2020
	Реестр высокоинформативных генетических маркеров, ассоциированных с костным метаболизмом, включающий не менее 20 маркеров (Республика Беларусь - не менее 1)	2021
Формирование базы данных, включающей результаты тестирования генетических маркеров,	Массив данных о мутационной изменчивости экзона генов коллагена среди пациентов с несовершенным остеогенезом, включая их	2020 - 2021

ассоциированных с метаболизмом костной ткани, клинические и лабораторно-инструментальные показатели	близких родственников (Республика Беларусь - не менее 1)	
	База данных, включающая информацию о частоте встречаемости не менее чем 25 маркеров, ассоциированных с метаболизмом костной ткани, среди пациентов с заболеваниями костно-мышечной системы и группы сравнения (Республика Беларусь - не менее 1)	2020 - 2021
Разработка методики оценки индивидуального риска заболеваний костно-мышечной системы на основании комплексного тестирования генетических маркеров, ассоциированных с метаболизмом костной ткани	Методика применения ДНК-маркеров в оценке индивидуального риска заболеваний костно-мышечной системы для практической работы по составлению заключений о результатах генетического тестирования (Республика Беларусь - не менее 1)	2021
	Алгоритм генетического тестирования наследственной предрасположенности к костно-мышечным заболеваниям с учетом клинических и инструментально-лабораторных показателей (Республика Беларусь - не менее 1)	2021
	Инструкция по применению по выявлению индивидуального риска	2021



	развития тяжелого остеопороза на основании генетического, клинического и лабораторно-инструментального обследования (Республика Беларусь - не менее 1)	
	Инструкция по применению по определению типов несовершенного остеогенеза (Республика Беларусь - не менее 1)	2021

Целью работы 6.4 "Молекулярно-генетическая оценка риска аутоиммунных заболеваний" является выявление молекулярно-генетических маркеров риска аутоиммунных заболеваний и создание на их основе геномных технологий выявления групп риска развития данных заболеваний.

Выполнение работы позволит выявить наиболее значимые (ключевые) генетические маркеры, ассоциированные с формированием аутоиммунного ответа, а также маркеры, связанные с возникновением отдельных аутоиммунных заболеваний. Предусмотрена оценка генетического риска появления и развития наиболее распространенных аутоиммунных заболеваний среди детского и взрослого населения - ювенильного ревматоидного артрита и ревматоидного артрита у взрослых, а также других ювенильных аутоиммунных заболеваний и синдромов, которые характеризуются ранним дебютом (у детей в возрасте до 18 лет). Полученные технологии дадут возможность идентификации людей, которые составляют группы риска. Такие технологии необходимы для идентификации жертв катастроф и для криминалистики, особенно в ситуациях, когда ДНК индивида получена впервые и отсутствуют другие биологические образцы данного человека или его родственников из иных источников (например, из имеющихся банков ДНК) для сравнительного (идентификационного) анализа.

Результаты исследования имеют также научную и социальную значимость. Это в наибольшей степени очевидно для заболеваний, которые с большой вероятностью приводят к инвалидности.

Итоговая информация представляется в виде оценки генетического

риска возникновения аутоиммунных заболеваний среди детского и взрослого населения Беларуси на основании тестирования наиболее информативных генетических маркеров, ассоциированных с одним или несколькими заболеваниями этой группы.

В рамках работы 6.4 будут осуществлены научно-исследовательские работы по следующим направлениям:

создание баз данных по спектру и частотам вариантов генов в группах пациентов с аутоиммунными заболеваниями и в группах сравнения;

анализ и отбор молекулярно-генетических маркеров риска аутоиммунных заболеваний;

создание геномных технологий определения риска развития аутоиммунных заболеваний.

В отношении результатов, полученных при выполнении работы, предусматривается введение режима коммерческой тайны соответствующим актом исполнителя.

Ожидаемые результаты, индикаторы, показатели и сроки выполнения работы приведены в таблице 6.4.

Таблица 6.4

Направление работ	Ожидаемые результаты, индикаторы и показатели	Срок выполнения
Создание баз данных по спектру и частотам вариантов генов в группах детей и взрослых с аутоиммунными заболеваниями и в группах сравнения	Базы данных по спектру и частотам вариантов генов у пациентов с аутоиммунными заболеваниями (Республика Беларусь - не менее 3)	2017 - 2021
Анализ и отбор молекулярно-генетических маркеров риска аутоиммунных заболеваний	Список выявленных значимых молекулярно-генетических маркеров, ассоциированных с повышенным риском возникновения аутоиммунной патологии (не менее трех аутоиммунных	2019 - 2021

	заболеваний) (Республика Беларусь - не менее 1)	
Создание геномных технологий определения риска развития аутоиммунных заболеваний	ДНК-технология определения риска развития ювенильных аутоиммунных заболеваний, содержащая алгоритм оценки риска одного или нескольких аутоиммунных заболеваний (Республика Беларусь - не менее 1)	2020 - 2021
	Инструкция по применению по использованию разработанной технологии (Республика Беларусь - не менее 1)	2021
	Материальный носитель с информацией, составляющей ноу-хау (Республика Беларусь - 1)	2020 - 2021

Данная работа будет осуществлена на основе:

созданных групп исследований из пациентов с ювенильным ревматоидным артритом и 2 групп сравнения;

созданных банков ДНК и биологического материала по профилю "ювенильные ревматоидные заболевания" и группы сравнения к ним (не менее 140 образцов ДНК и столько же биологического материала);

выявленных некоторых клеточно-молекулярных маркеров генетического риска ювенильного ревматоидного артрита, которые использованы для разработки соответствующего алгоритма.

Целью работы 6.5 "Разработка технологии выявления риска онкологических заболеваний на основе эпигенетических и молекулярно-генетических маркеров" является разработка инновационной ДНК-технологии, позволяющей определить молекулярно-генетические и эпигенетические маркеры риска рецидивирования и (или) прогрессирования злокачественной опухоли у пациентов с онкопатологиями.

Выполнение работы позволит сформировать панели эпигенетических и молекулярно-генетических маркеров для прогнозирования течения различных онкопатологий. Результаты исследования имеют научную и социальную значимость, так как по материалам Всемирной организации здоровья в развитых странах мира в структуре смертности населения злокачественные новообразования вышли на первое место, обогнав сердечно-сосудистую патологию. Экономические потери общества, связанные со злокачественными новообразованиями, обусловлены как высокой стоимостью лечения онкологических пациентов, профилактических и реабилитационных мероприятий, так и длительной, а зачастую и полной утратой трудоспособности и связанными с этим значительными затратами на социальное обеспечение по инвалидности.

Сведения об эпигенетических маркерах таких заболеваний станут в ближайшем будущем важны для криминалистики, поскольку анализ медицинских баз данных характеризует часть населения, отсутствующую в криминалистических базах данных.

Итоговая информация представляется в виде реестра высокоинформативных маркеров, определяющих раннее выявление рецидивирования или прогрессирования злокачественной опухоли изучаемых нозологий.

В рамках работы 6.5 будут осуществлены научно-исследовательские работы по следующим направлениям:

выявление эпигенетических и молекулярно-генетических маркеров, которые наиболее точно указывают на рецидивирование или прогрессирование злокачественных новообразований;

сравнение и анализ результатов генетического тестирования в разных группах с определением вклада отдельных эпигенетических и генетических вариантов в формирование прогноза течения исследуемых нозологий;

выделение высокоинформативных молекулярных маркеров и их комбинаций;

формирование базы данных частот встречаемости этих маркеров у пациентов с канцерогенезом;

разработка инструкции по применению по использованию эпигенетических и молекулярно-генетических маркеров для раннего выявления рецидивирования и (или) прогрессирования злокачественной опухоли.

Ожидаемые результаты, индикаторы, показатели и сроки выполнения работы приведены в таблице 6.5.

Направление работ	Ожидаемые результаты, индикаторы и показатели	Срок выполнения
Выявление эпигенетических и молекулярно-генетических маркеров, которые наиболее точно указывают на рецидивирование или прогрессирование злокачественных новообразований	База данных результатов широкогеномного анализа от 100 образцов ДНК групп пациентов с различными онкозаболеваниями (Республика Беларусь - не менее 1)	2017 - 2019
	Реестр молекулярно-генетических высокоинформативных маркеров, определяющих выявление раннего рецидивирования или прогрессирования злокачественной опухоли (Республика Беларусь - не менее 1)	2019
	База данных с результатами анализа статуса метилирования ДНК от 200 до 400 образцов пациентов с онкопатологией и групп сравнения (Республика Беларусь - не менее 1)	2019 - 2020
	Массив данных о частотах встречаемости высокоинформативных генетических маркеров в группах пациентов с онкопатологиями и в группах сравнения (Республика Беларусь - не менее 1)	2019 - 2020
	Реестр эпигенетических высокоинформативных	2020

	маркеров, определяющих выявление раннего рецидивирования или прогрессирования злокачественной опухоли (Республика Беларусь - не менее 1)	
Формирование базы данных частот встречаемости этих маркеров у пациентов с канцерогенезом и групп сравнения	База данных, включающая результаты широкогеномного анализа и данные о частотах встречаемости высокоинформативных эпигенетических и молекулярно-генетических маркеров в группах пациентов с онкопатологиями и в группах сравнения (Республика Беларусь - не менее 1)	2020
Разработка технологии и методических рекомендаций по использованию эпигенетических и молекулярно-генетических маркеров для раннего выявления рецидивирования или прогрессирования злокачественной опухоли	ДНК-технология генетического тестирования пациентов с онкопатологиями (Республика Беларусь - не менее 1)	2021
	Инструкция по применению разработанной технологии (Республика Беларусь - не менее 1)	2021

Данная работа будет осуществлена на основе:

созданных групп исследования из пациентов с немелкоклеточным раком легкого (250 пациентов), раком яичников (300 пациенток), раком мочевого пузыря (250 пациентов) и соответствующих групп сравнения к каждой нозологии;

созданных банков ДНК и биологического материала (опухолевая и

неопухолевая ткань, кровь и гистологические срезы, фиксированные в парафиновых блоках) по этим профилям;

имеющихся на всех пациентов следующих клинических и клинимоρφологических данных: пол, возраст, TNM, стадия, степень дифференцировки G, характеристика проведенного лечения, данные текущего обследования, которое позволит оценить течение заболевания с позиции прогрессирования, рецидива и летального исхода;

проведенного молекулярно-генетического анализа генов ферментов системы биотрансформации ксенобиотиков, генов, контролирующих процессы репарации, а также проведен генетический и эпигенетический анализ ключевых онкогенов и генов супрессоров.

Целью работы 6.6 "Выявление ДНК-маркеров риска некоронарогенных заболеваний сердца" является определение генетических факторов патогенеза и генетических маркеров риска развития неблагоприятных клинических исходов (синдром внезапной смерти и прогрессирование сердечной недостаточности) у пациентов с некоронарогенной патологией (дилатационной кардиомиопатией, аритмогенной дисплазией правого желудочка, гипертрофической кардиомиопатией, изолированной некомпактностью миокарда левого желудочка и каналопатией).

Реализация работы 6.6 позволит выявить взаимосвязи между патогенными мутациями и злокачественным течением жизнеугрожающих аритмий, прогнозировать риск развития синдрома внезапной смерти. Выявление мутаций у бессимптомных родственников и у потомства носителей патогенных ДНК-вариантов позволит осуществлять раннюю и пресимптоматическую диагностику генетически детерминированных некоронарогенных заболеваний.

В рамках работы 6.6 будут осуществлены научно-исследовательские работы по следующим направлениям:

выявление клинических случаев некоронарогенных болезней сердца, формирование групп на основе клинических проявлений и семейного анамнеза пациентов;

определение генетических факторов, определяющих клинические фенотипы некоронарогенных заболеваний современными молекулярно-генетическими методами;

разработка алгоритма стратификации с определением индивидуального базового профиля (клинического и генетического) риска синдрома внезапной смерти и прогрессирующей сердечной недостаточности у пациентов с диагностированными генетически детерминированными некоронарогенными заболеваниями.

Ожидаемые результаты, индикаторы, показатели и сроки выполнения работы приведены в таблице 6.6.

Таблица 6.6

Направление работ	Ожидаемые результаты, индикаторы и показатели	Срок выполнения
Выявление клинических случаев некоронарогенных болезней сердца, формирование групп на основе клинических проявлений и семейного анамнеза пациентов	Реестр клинических случаев дилатационной кардиомиопатии, аритмогенной дисплазии правого желудочка, гипертрофической кардиомиопатии, изолированной некомпактности миокарда левого желудочка на основе детальных клинических и лабораторных исследований сердечно-сосудистой системы и семейного анамнеза пациентов и его пополнение, не менее 200 случаев (Республика Беларусь - не менее 1)	2017 - 2019
	Реестр клинических случаев ионных каналопатий (синдром Бругада, синдром удлиненного интервала QT) на основе детальных клинических и лабораторных исследований сердечно-сосудистой системы и семейного анамнеза и его пополнение, не менее 20 случаев (Республика Беларусь - не менее 1)	2018 - 2020



Выявление генетических факторов, определяющих клинические фенотипы некоронарогенных заболеваний, с использованием геномных технологий	Массив данных секвенирования 174 генов, вовлеченных в патогенез дилатационной кардиомиопатии; идентификация потенциально патогенных мутаций (около 60 клинических случаев) (Республика Беларусь - не менее 1)	2018
	Массив данных секвенирования 174 генов, вовлеченных в патогенез гипертрофической кардиомиопатии (около 30 клинических случаев), аритмогенной дисплазии правого желудочка и изолированной некомпактности миокарда левого желудочка; идентификация потенциально патогенных мутаций (20 - 30 клинических случаев) (Республика Беларусь - не менее 1)	2019
	Массив данных секвенирования 174 генов, вовлеченных в патогенез ионных каналопатий: синдром Бругада, синдром удлиненного интервала QT; идентификация потенциально патогенных мутаций (около 20 - 30 клинических случаев) и	2020

	данных секвенирования дополнительных случаев дилатационной и гипертрофической кардиомиопатий (20 - 30 клинических случаев) (Республика Беларусь - не менее 1)	
	Индивидуальные генетические профили пациентов, содержащие комплекс потенциально патогенных мутаций, ассоциированных с каждым из типов некоронарогенной патологии сердца (Республика Беларусь - не менее 1)	2018 - 2021
	Итоговый реестр клинических случаев всех типов некоронарогенных заболеваний сердца (около 180) и генетических факторов, повлекших их развитие (Республика Беларусь - не менее 1)	2021
Разработка методики стратификации с определением индивидуального базового профиля (клинического и генетического) риска синдрома внезапной смерти и прогрессирующей сердечной	Методика применения ДНК-маркеров для стратификации с определением индивидуального базового профиля риска синдрома внезапной смерти и прогрессирующей сердечной недостаточности у	2021

недостаточности у пациентов с диагностированными генетически детерминированными некоронарогенными заболеваниями	пациентов с диагностированными генетически детерминированными некоронарогенными заболеваниями (Республика Беларусь - не менее 1)	
	Материальный носитель с информацией, составляющей ноу-хау (Республики Беларусь - не менее 1)	2020
	Заявки на охраняемые документы, поданные в патентные ведомства (Республика Беларусь - не менее 1)	2020 - 2021

## Раздел В

Мероприятия по решению задачи В "Разработка и изготовление опытных образцов инновационных наборов реагентов для геногеографических и геномных технологий определения характерных признаков индивида по ДНК и определения индивидуальной предрасположенности к наиболее широко распространенным заболеваниям" включают в себя мероприятия 7 - 9.

### **Мероприятие 7. Разработка и изготовление опытных образцов инновационных наборов реагентов для идентификации личности и установления родства на основе STR- и SNP-маркеров методом массового параллельного секвенирования**

Целью мероприятия является разработка наборов реагентов с использованием существующих химических веществ и рецептуры их составления, с изготовлением опытных образцов наборов для применения в технологиях и методиках, разработанных в мероприятиях 1, 3, 4, и практическая апробация разработанных наборов в криминалистических лабораториях, что позволит реализовать технологическое опережение существующих за рубежом разработок, а

также отказаться от импорта наборов для ДНК-идентификации.

В Беларуси и России в криминалистической практике используются готовые импортные наборы для генотипирования STR-маркеров. Каждый набор состоит из специально подобранных химических реагентов, пригодных для использования с существующим приборным и инструментальным обеспечением. Каждый набор составляется для проведения заранее определенного круга исследований ДНК.

В связи с развитием геномных технологий ожидается, что в исследования будут включены не только STR-маркеры, но и одновременно маркеры другого типа - SNP (замены отдельных нуклеотидов). Причем применение последних особенно актуально в случае отсутствия описаний внешних признаков подозреваемого и отсутствия сравнительной ДНК-информации.

Подлежат разработке отечественные наборы реагентов для генотипирования STR-маркеров и SNP-маркеров с помощью методов массового параллельного секвенирования (МПС). Это позволит сопоставлять генотипы, установленные с использованием новых наборов реагентов, с накопленными ранее массивами информации о генотипах, находящимися в распоряжении криминалистов, одновременно увеличив информативность получаемых результатов за счет введения новых генетических локусов в разрабатываемые наборы.

В результате реализации мероприятия будет разработана опытная технология составления наборов и изготовлены опытные образцы наборов реагентов для генотипирования комплектов генетических локусов методом МПС, которые предназначены для ресурсного обеспечения реализации инновационных ДНК-технологий, разработанных в мероприятиях 1, 3, 4. Разрабатывается методика сбора и консервации биологических материалов для сохранения метаболитов, подлежащих анализу при определении внешних признаков индивида, и технология производства опытных образцов наборов реагентов для определения профиля метаболитов в биологических материалах, методические указания по применению набора. Разрабатываемые наборы реагентов должны быть адаптированы под существующее и перспективное ресурсное и приборное обеспечение, используемое в организациях как российских заинтересованных ведомств, так и белорусских.

Адаптацию разработанных наборов реагентов к имеющимся в России и Беларуси технологическим условиям и приборному обеспечению должны проводить российская и белорусская стороны соответственно. Для этого белорусская сторона участвует в проверочных испытаниях разработанных наборов реагентов.

Разрабатываемые в рамках мероприятия 7 российской стороной

наборы реагентов должны быть конкурентоспособны на белорусском рынке и по цене, и по более широким возможностям получения информации об индивиде по его ДНК в сравнении с наборами вышеперечисленных производителей. Проведенная адаптация наборов реагентов под конкретные технологические условия заинтересованных организаций и ведомств обеих стран должна повысить их конкурентоспособность.

Предусматривается создание таких наборов для ДНК-идентификации, которые опережают существующий мировой уровень.

В рамках этого мероприятия российской стороной предусматривается выполнение следующих научно-исследовательских, опытно-конструкторских и технологических работ:

разработка набора реагентов для определения вероятной внешности индивида на основе характеристик его ДНК;

разработка набора реагентов для определения вероятной этногеографической и популяционной принадлежности неизвестного индивида по его ДНК;

разработка набора реагентов для ДНК-идентификации неизвестного индивида по характеристикам его ДНК;

разработка набора реагентов для выявления метаболитов с целью идентификации неизвестного индивида;

разработка технической документации по применению наборов реагентов.

Белорусской стороной по мероприятию 7 предусмотрено проведение испытания созданных образцов новой продукции для ДНК-идентификации на биологических материалах населения Беларуси.

В рамках выполнения указанных работ предусматривается проведение патентных исследований.

Ожидаемые результаты, индикаторы, показатели и сроки выполнения работ приведены в таблице 7.

Таблица 7

Наименование работ	Ожидаемые результаты, индикаторы и показатели	Срок выполнения
Разработка набора реагентов для определения вероятной внешности индивида на основе характеристик его	Опытный образец набора реагентов для определения вероятной внешности индивида на основе характеристик его	2018 - 2020

ДНК	ДНК и инструкция по его применению для определения характеристик ДНК (Российская Федерация - не менее 1)	
	Протоколы апробации разработанного опытного набора реагентов для анализа ДНК (не менее 50 индивидов) с определением чувствительности, специфичности и разрешающей способности (в отношении количества и качества ДНК, подлежащей идентификации) (Российская Федерация - не менее 1, Республика Беларусь - не менее 1)	2020 - 2021
Разработка набора реагентов для определения вероятной этногеографической и популяционной принадлежности неизвестного индивида по его ДНК	Опытный образец набора реагентов для определения вероятной этногеографической и популяционной принадлежности индивида на основе характеристик его ДНК и инструкция по его применению для определения характеристик ДНК (Российская Федерация - не менее 1)	2018 - 2021
	Протоколы апробации разработанного опытного	2020 - 2021

	<p>набора реагентов для анализа ДНК (не менее 50 индивидов) с определением чувствительности, специфичности и разрешающей способности (в отношении количества и качества ДНК, подлежащей идентификации) (Российская Федерация - не менее 1, Республика Беларусь - не менее 1)</p>	
<p>Разработка набора реагентов для ДНК-идентификации неизвестного индивида по характеристикам его ДНК</p>	<p>Опытный образец набора реагентов для ДНК-идентификации неизвестного индивида и инструкция по его применению для определения характеристик ДНК (Российская Федерация - не менее 1)</p>	2018 - 2021
	<p>Протоколы апробации разработанного опытного набора реагентов для анализа ДНК (не менее 50 индивидов) с определением чувствительности, специфичности и разрешающей способности (Российская Федерация - не менее 1, Республика Беларусь - не менее 1)</p>	2020 - 2021
<p>Разработка набора</p>	<p>Опытный образец набора</p>	2018 - 2021

реагентов для выявления метаболитов с целью идентификации неизвестного индивида	реагентов для выявления метаболитов в биологических образцах и инструкция по его применению для выявления метаболитов в биологических образцах (Российская Федерация - не менее 1)	
	Протокол апробации разработанного опытного набора реагентов для анализа метаболитов в биологических материалах (не менее 50 индивидов) с определением чувствительности, специфичности и разрешающей способности (в отношении выявления метаболитов) (Российская Федерация - не менее 1)	2020
Разработка технической документации	Протокол сравнения с импортными аналогами для тех наборов, для которых такие аналоги будут доступны на момент испытаний (Российская Федерация - не менее 1)	2019 - 2021
	Техническая документация по применению наборов реагентов (для 4 наборов) (Российская Федерация - не менее 4)	2021
	Заявки на охранные	2021



	документы, поданные в патентные ведомства, в том числе патентные ведомства Российской Федерации и/или Республики Беларусь, или материальные носители с информацией, составляющей ноу-хау (Российской Федерации - не менее 4)	
	Научные публикации в журналах, индексируемых в базах данных Web of Science или Scopus (Российская Федерация - не менее 2)	2019 - 2021

**Мероприятие 8. Адаптация применения разработанных отечественных инновационных наборов реагентов для ДНК-идентификации по деградированной ДНК и ДНК из малых количеств биоматериала**

Целью мероприятия является расширение возможностей ДНК-идентификации применительно к биологическим материалам, ДНК в которых деградирована или которые доступны лишь в малых количествах, за счет разработки наборов реагентов из существующих химических веществ и рецептуры их составления, с изготовлением опытных образцов наборов для применения в ДНК-идентификации по деградированной ДНК и ДНК из малых количеств биоматериала в технологиях и методиках, разработанных в мероприятиях 1, 3, 4, и их практическая апробация в криминалистических лабораториях, что позволит реализовать технологическое опережение существующих за рубежом разработок.

В криминалистической практике достаточно часто встречаются случаи, когда для криминалистического анализа доступны лишь малые количества ДНК или ДНК в биологических материалах деградирована.

В рамках этого мероприятия будут проведены научно-исследовательские, опытно-конструкторские и технологические работы по адаптации разработанных в мероприятии 7 наборов реагентов

генотипирования STR- и SNP-маркеров для идентификации личности, определения черт внешности и этногеографического происхождения по ДНК, для применения на малых количествах ДНК или деградированной ДНК. Разработке также подлежат наборы реагентов для идентификации пола по ДНК на малых количествах ДНК и деградированной ДНК и наборы реагентов для полного секвенирования митохондриальной ДНК на малых количествах ДНК и деградированной ДНК. Для всех разработанных и адаптированных наборов изготавливаются опытные образцы наборов реагентов, а также будет разработана техническая документация по их применению.

Разработанные наборы реагентов будут адаптированы под существующее и перспективное ресурсное и приборное обеспечение.

В результате мероприятия ожидается получение составов наборов реагентов для генотипирования STR-маркеров с помощью МПС для идентификации личности для малых количеств ДНК или деградированной ДНК; генотипирования SNP-маркеров с помощью МПС для идентификации личности, определения черт внешности и определения этногеографического происхождения индивида для малых количеств ДНК или деградированной ДНК; определения пола индивида на малых количествах ДНК и на деградированной ДНК, отличающегося более высокой эффективностью и отсутствием ошибок, по сравнению с имеющимися импортными аналогами. Для всех наборов предусмотрена разработка лабораторной технологии изготовления, а также изготовление опытных образцов каждого набора реагентов и подготовка методических указаний по их применению.

В рамках этого мероприятия российской стороной предусматривается выполнение следующих научно-исследовательских, опытно-конструкторских и технологических работ:

разработка наборов реагентов для определения пола и митохондриальной ДНК на малых количествах ДНК и деградированной ДНК;

адаптация применения разработанных отечественных инновационных наборов реагентов для ДНК-идентификации по деградированной ДНК и ДНК из малых количеств биоматериала;

разработка технической документации.

Белорусская сторона участвует в проверочных испытаниях разработанных наборов реагентов. По результатам проверочных испытаний наборы реагентов подлежат адаптации к имеющимся в России и Беларуси технологическим условиям и приборному обеспечению, что должно способствовать повышению их конкурентоспособности на рынке.

В рамках выполнения указанных работ предусматривается

проведение патентных исследований.

Ожидаемые результаты, индикаторы, показатели и сроки выполнения работ приведены в таблице 8.

Таблица 8

Наименование работ	Ожидаемые результаты, индикаторы и показатели	Срок выполнения
Разработка наборов реагентов для определения пола и митохондриальной ДНК на малых количествах ДНК и деградированной ДНК	ДНК-технология определения полной последовательности нуклеотидов митохондриальной ДНК на малых количествах ДНК и деградированной ДНК (Российская Федерация - не менее 1)	2017 - 2019
	ДНК-технология определения пола на малых количествах ДНК и деградированной ДНК (Российская Федерация - не менее 1)	2017 - 2019
	Методические рекомендации по применению ДНК-технологии определения пола на малых количествах ДНК и деградированной ДНК (Российская Федерация - не менее 1)	2018 - 2020
	Методические рекомендации по применению ДНК-технологии определения полной последовательности нуклеотидов митохондриальной ДНК на малых количествах ДНК и	2018 - 2020

	деградированной ДНК (Российская Федерация - не менее 1)	
	Опытный образец набора реагентов для идентификации пола по ДНК на малых количествах ДНК и деградированной ДНК и инструкция по его применению (Российская Федерация - не менее 1)	2017 - 2019
	Опытный образец набора реагентов для полного секвенирования митохондриальной ДНК на малых количествах ДНК и деградированной ДНК и инструкция по его применению (Российская Федерация - не менее 1)	2017 - 2019
Адаптация применения разработанных отечественных инновационных наборов реагентов для ДНК-идентификации по деградированной ДНК и ДНК из малых количеств биоматериала	Протоколы апробации разработанных в мероприятии 7 наборов реагентов для определения черт внешности, этногеографического происхождения, популяционной принадлежности для анализа деградированной ДНК и ДНК из малых количеств биоматериала (в отношении количества и качества ДНК, подлежащей идентификации) (Российская Федерация - не менее 1, Республика Беларусь - не менее 1)	2017 - 2020
	Протоколы апробации	2018 - 2020

	<p>разработанных адаптированных наборов реагентов для анализа деградированной ДНК и ДНК из малых количеств биоматериала с определением чувствительности, специфичности и разрешающей способности (в отношении количества и качества ДНК, подлежащей идентификации) (Российская Федерация - не менее 1, Республика Беларусь - не менее 1)</p>	
Разработка технической документации	<p>Техническая документация по применению наборов реагентов для ДНК-идентификации по деградированной ДНК и ДНК из малых количеств биоматериала (не менее 5 наборов) (Российская Федерация - не менее 5)</p>	2021
	<p>Заявки на охранные документы, поданные в патентные ведомства, в том числе патентные ведомства Российской Федерации или Республики Беларусь, или материальные носители с информацией, составляющей ноу-хау (Российской Федерации - не менее 4)</p>	2021
	<p>Научные публикации в журналах, индексируемых в базах данных Web of</p>	2019 - 2021

	Science или Scopus (Российская Федерация - не менее 2)	
--	---	--

**Мероприятие 9. Разработка и изготовление опытных образцов наборов реагентов для выявления ДНК-маркеров риска развития широко распространенных (сердечно-сосудистых и эндокринных) заболеваний для применения в криминалистике**

Для выявления генетических маркеров риска развития широко распространенных заболеваний с генетической предрасположенностью предусмотрена разработка методологии составления и рецептура наборов реагентов из существующих химических веществ, с изготовлением опытных образцов наборов для широкомасштабного определения последовательности нуклеотидов, влияющих на риск развития широко распространенных заболеваний.

Разработка наборов реагентов, предназначенных для выявления генетической предрасположенности к возникновению широко распространенных заболеваний, основывается на геномных подходах, что позволяет базировать разработку на идентичных научных основаниях. Сведения о ДНК-маркерах таких заболеваний станут в ближайшем будущем важны и для криминалистики, поскольку анализ медицинских данных, характеризующих основную часть населения, может сузить круг лиц при ДНК-идентификации жертв и исполнителей преступлений по их биологическим следам с места события.

В результате должны быть разработаны и изготовлены опытные образцы наборов реагентов для определения генетической предрасположенности к широко распространенным заболеваниям с генетической предрасположенностью на основе анализа не менее 60 наиболее информативных генетических маркеров, выявленных в мероприятии 6.

Целью мероприятия 9 в криминалистическом аспекте является разработка и изготовление опытных образцов наборов реагентов для выявления ДНК-маркеров риска широко распространенных заболеваний у идентифицируемого индивида для применения в криминалистике. Такие маркеры и технологии их выявления являются важными для криминалистики при ДНК-идентификации тех индивидов, которые не находятся в криминалистических ДНК-базах данных, и тех, которые никогда в такие базы не попадут, но могут оказаться как подозреваемыми, так и жертвами, идентификация которых будет возможна только по анализу ДНК в их останках.

В рамках данного мероприятия предусматривается выполнение научно-исследовательской работы по разработке и составлению наборов реагентов для выявления генетических маркеров риска развития широко распространенных заболеваний.

Научно-исследовательские работы по этому мероприятию проводятся белорусскими организациями.

Ожидаемые результаты, индикаторы, показатели и сроки выполнения работ приведены в таблице 9.

Таблица 9

Наименование работ	Ожидаемые результаты, индикаторы и показатели	Срок выполнения
Разработка и изготовление наборов реагентов для выявления генетических маркеров риска развития широко распространенных заболеваний	Опытные образцы наборов реагентов, предназначенных для выявления генетической предрасположенности к возникновению широко распространенных заболеваний, и инструкция по их применению (не менее 6 наборов опытных образцов) (Республика Беларусь - не менее 6)	2018 - 2020
	Протоколы апробации разработанных опытных наборов реагентов для анализа ДНК с определением чувствительности, специфичности и разрешающей способности (в отношении количества и качества ДНК, подлежащей идентификации) (Республика Беларусь - не менее 6)	2019 - 2021
	Свидетельство о государственной	2020 - 2021

	регистрации наборов (не менее 6 наборов) (Республика Беларусь - не менее 1)	
	Научные публикации в журналах, индексируемых в базах данных Web of Science или Scopus (Республика Беларусь - не менее 2)	2019 - 2021
	Материальный носитель с информацией, составляющей ноу-хау (Республика Беларусь - не менее 1)	2020 - 2021

## Раздел Г

В раздел включено мероприятие 10 по решению задачи Г "Разработка методики составления прогноза динамики генофондов населения мегаполисов Союзного государства при различных миграционных сценариях" для учета при применении разработанных ДНК-технологий в криминалистических экспертизах на территории Союзного государства.

### **Мероприятие 10. Разработка методики формирования баз данных для целей ДНК-идентификации в смешанном населении мегаполиса и прогноза динамики генофонда мегаполиса под воздействием миграционных процессов**

Целью данного мероприятия является разработка методики формирования и анализа генетических баз данных для населения мегаполисов, учитывающая смешанный состав и динамичность этих популяционных структур, а также разработка прогноза динамики генофонда населения мегаполиса под воздействием миграционных и других этнодемографических процессов.

Проблема ДНК-идентификации личности особо важна для обеспечения безопасности мегаполисов, которые являются средоточием не только политической, экономической, культурной жизни страны, но и криминогенных и техногенных угроз. Необходимость создания



особых референсных баз данных для мегаполисов, в отличие от сельского населения, диктуется смешанным составом населения мегаполисов в этническом, антропологическом и генетическом аспектах (из-за межнациональных браков). Сложность создания референсных баз данных для населения мегаполисов обусловлена огромным притоком мигрантов разных национальностей, их неравномерным естественным приростом, неравномерностью расселения представителей разных этноконфессиональных и профессиональных групп по городской территории, вплоть до формирования этнических кварталов, консолидацией этнических диаспор за счет предпочтения браков среди "своих".

Каждый мегаполис является центром миграционного притяжения для населения обширных территорий, размер которых зависит от величины города, его политико-административной и экономико-культурной значимости, что предопределяет необходимость создания отдельных баз данных для разных мегаполисов с учетом этнотерриториального происхождения горожан. Без предварительного анализа генетико-демографической структуры популяции и ее динамики (миграционные процессы, этнический состав населения, неоднородность расселения по территории, брачная структура, дифференциальный естественный прирост этнических групп) невозможно грамотное формирование генетических баз данных для населения мегаполиса.

Поскольку миграционные процессы приводят к изменению спектра и частот встречаемости вариантов генов наследственной патологии, в рамках мероприятия 10 разрабатывается прогноз динамики генофонда населения под воздействием миграционных и других этнодемографических процессов в отношении ДНК-маркеров, значимых одновременно для криминалистики и для здравоохранения.

В рамках мероприятия 10 будут выполнены следующие работы:

анализ миграционных потоков в мегаполисах Союзного государства на основе данных переписей и текущей миграционной статистики;

формирование базы данных генетико-демографических характеристик населения мегаполисов;

статистический анализ массива анкет с целью получения популяционно-генетических параметров населения мегаполисов;

формирование базы данных характеристик генофонда населения мегаполисов по мужским (Y-хромосома) и женским (митохондриальная ДНК) генетическим линиям;

выявление генетических маркеров, высокоинформативных для разработки прогноза динамики генофонда;

разработка методики формирования баз данных для целей ДНК-

идентификации для смешанного населения мегаполиса;

разработка методики прогнозирования динамики генофондов населения мегаполисов под воздействием миграционных процессов.

В рамках выполнения указанных работ предусматривается проведение патентных исследований.

В отношении разработанной технологии предусматривается введение режима коммерческой тайны соответствующим актом исполнителя.

Материалы и информация, используемые для выполнения указанных работ российской стороной, должны соответствовать следующим требованиям:

использование коллекций биологических материалов или ДНК, из них не менее 1000 образцов жителей мегаполисов, сопровождаемых индивидуальной анкетой, с указанием места сбора материала, национальности донора, места рождения и проживания, национальности его родителей, всех дедушек и бабушек;

наличие подтверждения научной значимости коллекций таких биологических материалов публикациями с их использованием в научных журналах из международной базы данных научного цитирования Web of Science;

иметь подтверждение доступности коллекций для реализации работ мероприятия положением о коллекции или другими локальными актами организации - исполнителя мероприятия с перечислением данных коллекций, правом на использование которых обладает организация, либо документом на право использования коллекции для целей мероприятия, полученным от правообладателя этой коллекции или от ее создателя.

Также для выполнения указанных работ используется опыт научных исследований в области генетико-демографических исследований, подтвержденный публикациями в научных журналах из международной базы данных научного цитирования Web of Science.

Ожидаемые результаты, индикаторы, показатели и сроки выполнения работ приведены в таблице 10.

Таблица 10

Наименование работ	Ожидаемые результаты, индикаторы и показатели	Срок выполнения
Анализ миграционных потоков в мегаполисах	Таблица значений основных генетико-	2017 - 2018

<p>Союзного государства на основе данных переписей и текущей миграционной статистики</p>	<p>демографических параметров миграции для мегаполисов Союзного государства, сформированная на основе обработки анкетных данных и данных демографической статистики, за период не менее 10 лет (Российская Федерация - не менее 1)</p>	
<p>Формирование базы данных генетико-демографических характеристик населения мегаполисов</p>	<p>Карты неравномерности расселения этнорегиональных групп по территории не менее 3 мегаполисов на основе данных демографической статистики (Российская Федерация - не менее 2, Республика Беларусь - не менее 1)</p>	<p>2018</p>
	<p>Базы данных с генетико-демографическими характеристиками жителей (включая место и дату рождения, этническое происхождение анкетированного и его предков в двух поколениях), формируемые на основе описания коллекций "ДНК-мегаполис-Р" и "ДНК-мегаполис-Бел" (Российская Федерация - не менее 2, Республика Беларусь - не менее 1)</p>	<p>2018 - 2020</p>
<p>Статистический анализ</p>	<p>Реестры основных</p>	<p>2020</p>

<p>массива анкет с целью получения популяционно-генетических параметров населения мегаполисов</p>	<p>генетико-демографических параметров населения мегаполисов (включая коэффициенты миграции, миграционные расстояния, показатели брачной ассортативности, показатели аутбридинга, интенсивность изменения частот вариантов генов, дифференциальная смертность, дифференциальная плодовитость) для не менее 3 мегаполисов (Российская Федерация - не менее 1, Республика Беларусь - не менее 1)</p>	
<p>Формирование базы данных характеристик генофонда населения мегаполисов по мужским (Y-хромосома) и женским (митохондриальная ДНК) генетическим линиям</p>	<p>Коллекция образцов ДНК "ДНК-мегаполис-Бел" индивидов из не менее 1 мегаполиса Республики Беларусь, собранная для генотипирования в рамках мероприятия 10, не менее 300 образцов (Республика Беларусь - не менее 1)</p>	<p>2018 - 2019</p>
	<p>Коллекция образцов ДНК "ДНК-мегаполис-Р" индивидов из не менее 2 мегаполисов Российской Федерации, всего не менее 1000 образцов (Российская Федерация - не менее 1)</p>	<p>2017</p>
	<p>Базы данных "Мегаполис-ДНК-1Р", "Мегаполис-ДНК-2Р", "Мегаполис-</p>	<p>2018 - 2019</p>

	<p>ДНК-Бел" с характеристиками населения мегаполисов по мужским и женским генетическим линиям, включающие не менее 15 ДНК-маркеров (STR- и SNP-маркеры Y-хромосомы и маркеры гаплогрупп мтДНК) каждая, сформированные по результатам генетического анализа коллекций "ДНК-мегаполис-Р" и "ДНК-мегаполис-Бел" (Российская Федерация - не менее 2, Республика Беларусь - не менее 1)</p>	
	<p>Свидетельство о государственной регистрации базы данных (Российская Федерация - не менее 1)</p>	<p>2021</p>
<p>Выявление генетических маркеров, высокоинформативных для разработки прогноза динамики генофонда</p>	<p>Реестры маркеров "Мегаполис-ДНК-Р" и "Мегаполис-ДНК-Бел", высокоинформативных для криминалистики, по которым ожидается наиболее выраженная динамика в поколениях, включающие не менее 10 маркеров, сформированные на основе сравнения баз данных "Мегаполис-ДНК-1Р", "Мегаполис-ДНК-2Р", "Мегаполис-ДНК-Бел" с референсными</p>	<p>2019 - 2020</p>

	базами данных "Y-референс-R" и "Y-референс-Бел" и базой данных "Y-R" (Российская Федерация - не менее 1, Республика Беларусь - не менее 1)	
Разработка методики формирования баз данных для целей ДНК-идентификации для смешанного населения мегаполиса	Методика формирования баз данных для исследования идентификационных маркеров у смешанного населения мегаполиса (Российская Федерация - не менее 1)	2018 - 2021
Разработка методики прогнозирования динамики генофондов населения мегаполисов под воздействием миграционных процессов	Методика прогнозирования изменений распределения ДНК-маркеров у населения мегаполисов Союзного государства под воздействием миграционных процессов (Российская Федерация - не менее 1)	2020 - 2021
	Протокол апробации методики прогнозирования изменений распределения ДНК-маркеров на примере не менее 10 ДНК-маркеров (Российская Федерация - не менее 1)	2021
	Научные публикации в журналах, индексируемых в базах данных Web of Science или Scopus (Российская Федерация - не менее 2, Республика	2019 - 2021

	Беларусь - не менее 1)	
	Заявки на охраняемые документы, поданные в патентные ведомства, в том числе патентные ведомства Российской Федерации или Республики Беларусь, или материальные носители с информацией, составляющей ноу-хау (Российская Федерация - не менее 1)	2020 - 2021

Ресурсное обеспечение мероприятий Программы, сроки их реализации, ожидаемые результаты (на основе данных таблиц 1 - 10) отражены в таблице 11.

**Перечень мероприятий, сроки их реализации, ресурсное обеспечение и ожидаемые результаты выполнения мероприятий Программы**

Наименование мероприятия	Срок выполнения	Объемы финансирования из бюджета Союзного государства, в том числе за счет долевого отчисления Российской Федерации и Республики Беларусь в бюджет Союзного государства (тыс. российских рублей, в ценах соответствующих лет)						Ожидаемые результаты
		2017 - 2021 гг.	2017 г.	2018 г.	2019 г.	2020 г.	2021 г.	
Мероприятие 1 Разработка технологии определения вероятной внешности неизвестного индивида по характеристикам его ДНК	2017 - 2021	Всего: 155 496,8 в том числе: РФ: 79 996,8 РБ: 75 500,00	Всего: 13 501,8 в том числе: РФ: 7 461,8 РБ: 6 040,00	Всего: 52 776,4 в том числе: РФ: 27 332,4 РБ: 25 444,0 0	Всего: 45 326,5 в том числе: РФ: 24 941,5 РБ: 20 385,0 0	Всего: 26 437,7 в том числе: РФ: 11 337,7 РБ: 15 100,0 0	Всего: 17 454,4 в том числе: РФ: 8 923,4 РБ: 8 531,00	База данных "Гены-Внешность-Р", включающая генотипы от не менее 900 индивидов из популяций Перечня "Генотип-Р" по генетическим маркерам внешности (в соответствии с



							<p>реестром "Внешность")</p> <p>Итоговые реестры "Внешность-Р" и "Внешность-Бел"</p> <p>ДНК-технология определения внешности по ДНК индивида</p> <p>Техническая документация определения вероятной внешности индивида по его генотипу (локусу реестра "Внешность"). Протокол апробации ДНК- технологии, включающий описание</p>
--	--	--	--	--	--	--	---

							<p>обработки полученных экспериментальных результатов и показатели чувствительности и специфичности</p> <p>Геногеографический атлас частот встречаемости вариантов генетических локусов, который демонстрирует вариабельность частот генов в региональных группах населения и зависимость чувствительности и специфичности технологии от особенностей региональных генофондов</p>
--	--	--	--	--	--	--	---

								Методические рекомендации по применению технологии определения вероятной внешности неизвестного индивида по характеристикам его ДНК
Мероприятие 2 Разработка методики определения вероятного возраста индивида по характеристикам его ДНК	2017 - 2021	Всего: 140 218,2 в том числе: РФ: 64 718,2 РБ: 75 500,0	Всего: 11 951,2 в том числе: РФ: 5 911,2 РБ: 6 040,0	Всего: 47 200,8 в том числе: РФ: 21 756,8 РБ: 25 444,0	Всего: 40 576,8 в том числе: РФ: 20 191,8 РБ: 20 385,0	Всего: 24 511,6 в том числе: РФ: 9 411,6 РБ: 15 100,0	Всего: 15 977,8 в том числе: РФ: 7 446,8 РБ: 8 531,0	База данных результатов характера метилирования ДНК "Возраст-эпигеном-Р"  Итоговые реестры эпигенетических маркеров "Эпигеном-Возраст-Р" и "Эпигеном-

								<p>Возраст-Бел"</p> <p>Компьютерная программа для определения возраста индивида по уровню прижизненной модификации (метилования) избранных участков его ДНК</p> <p>Методика определения вероятного возраста индивида по характеристике эпигенетического статуса его ДНК для криминалистов</p> <p>Техническая документация по определению вероятного</p>
--	--	--	--	--	--	--	--	---

								возраста индивида по результатам анализа уровня метилирования избранных участков его ДНК
Мероприятие 3 Разработка ДНК-технологии определения наиболее вероятного этногеографического происхождения неизвестного индивида по характеристикам его ДНК	2017 - 2021	Всего: 401 052,5 в том числе: РФ: 363 302,5 РБ: 37 750,0	Всего: 33 407,2 в том числе: РФ: 33 407,2 РБ: 0,0	Всего: 124 903,0 в том числе: РФ: 117 703,0 РБ: 7 200,0	Всего: 144 786,6 в том числе: РФ: 114 786,6 РБ: 30 000,0	Всего: 55 027,0 в том числе: РФ: 54 477,0 РБ: 550,0	Всего: 42 928,7 в том числе: РФ: 42 928,7 РБ: 0,0	База данных о разнообразии народонаселения Союзного государства и стран - источников миграций "Y-P" по маркерам подреестра "Y-P"  Итоговые реестры "Геногеография-Р" и "Геногеография-Бел"  Прикладная компьютерная программа геногеографическо

							<p>го определения происхождения</p> <p>ДНК-технология определения вероятного этногеографического происхождения неизвестного индивида по характеристикам его ДНК</p> <p>Техническая документация для определения вероятного этногеографического происхождения индивида по его генотипу (маркеры, входящие в реестр "Геногеография-Р")</p>
--	--	--	--	--	--	--	--

								Методические рекомендации по применению технологии определения наиболее вероятного этногеографического происхождения неизвестного индивида по характеристикам его ДНК
Мероприятие 4 Разработка технологии ДНК-идентификации и определения популяционной принадлежности неизвестного	2017 - 2021	Всего: 293 471,0 в том числе: РФ: 179 721,0 РБ: 113 750,0	Всего: 18 687,6 в том числе: РФ: 18 687,6 РБ: 0,0	Всего: 141 220,5 в том числе: РФ: 60 020,5 РБ: 81 200,0	Всего: 71 594,7 в том числе: РФ: 54 594,7 РБ: 17 000,0	Всего: 41 645,8 в том числе: РФ: 26 095,8 РБ: 15 550,0	Всего: 20 322,4 в том числе: РФ: 20 322,4 РБ: 0,0	База данных частот ДНК-маркеров мужских линий генофондов "Y-популяция-Р"  База данных "CODIS-Р"  База данных частот ДНК-маркеров

индивида								<p>дифференциации генофондов в популяциях населения Союзного государства "Популяция-геном-Р"</p> <p>Итоговые реестры ДНК-маркеров ("Идентификация-Р", "Популяционная принадлежность-Р", "Популяционная принадлежность-Бел")</p> <p>ДНК-технология ДНК-идентификации и определения популяционной принадлежности</p>
----------	--	--	--	--	--	--	--	--



							<p>индивида</p> <p>Техническая документация по применению разработанной ДНК-технологии ДНК-идентификации и определения популяционной принадлежности неизвестного индивида по набору генетических маркеров</p> <p>Методические рекомендации по применению ДНК-технологии ДНК-идентификации и определения популяционной принадлежности</p>
--	--	--	--	--	--	--	--

								<p>неизвестного индивида</p> <p>Инструкции по применению методики анализа ДНК, полученной из смешанных следов, с целью определения пола</p>
<p>Мероприятие 5 Разработка методики определения статуса генетических локусов и прижизненной модификации участков ДНК, влияющих на психоэмоциональный статус человека</p>	<p>2017 - 2021</p>	<p>Всего: 233 308,2 в том числе: РФ: 132 008,2 РБ: 101 300,0</p>	<p>Всего: 40 442,5 в том числе: РФ: 13 195,1 РБ: 27 247,4</p>	<p>Всего: 57 610,0 в том числе: РФ: 44 529,0 РБ: 13 081,0</p>	<p>Всего: 66 413,5 в том числе: РФ: 39 935,0 РБ: 26 478,5</p>	<p>Всего: 33 565,9 в том числе: РФ: 18 673,6 РБ: 14 892,3</p>	<p>Всего: 35 276,3 в том числе: РФ: 15 675,5 РБ: 19 600,8</p>	<p>База данных частот встречаемости ДНК-маркеров итогового реестра "Статус-геном-Р"</p> <p>Итоговые реестры "Статус-эпигеном-Р" и "Статус-эпиген-Бел"</p> <p>Итоговые реестры ДНК-маркеров "Статус-геном-Р" и</p>

								<p>"Статус-ген-Бел"</p> <p>Методика определения биологических составляющих психоэмоционального статуса индивида</p> <p>Техническая документация для применения разработанных методик с указанием чувствительности и специфичности</p>
<p>Мероприятие 6 Определение генетических механизмов риска широко распространенных</p>	<p>2017 - 2021</p>	<p>Всего: 181 200,0 в том числе: РФ: 0 РБ:</p>	<p>Всего: 14 496,0 в том числе: РФ: 0 РБ:</p>	<p>Всего: 61 064,0 в том числе: РФ: 0 РБ:</p>	<p>Всего: 48 924,0 в том числе: РФ: 0 РБ:</p>	<p>Всего: 36 240,0 в том числе: РФ: 0 РБ:</p>	<p>Всего: 20 476,0 в том числе: РФ: 0 РБ:</p>	<p>Итоговый реестр высокоинформативных генетических маркеров риска развития заболеваний тромбогенного</p>

<p>заболеваний (сердечно-сосудистых, эндокринных, аутоиммунных, костно-мышечных, онкологически х и некоронарогенных заболеваний сердца), а также разработка геномных технологий выявления их ДНК-маркеров для применения в криминалистике</p>		181 200,0	14 496,0	61 064,0	48 924,0	36 240,0	20 476,0	<p>характера</p> <p>Итоговый реестр клинических случаев всех типов некоронарогенных заболеваний сердца (около 180) и генетических факторов, повлекших их развитие</p> <p>ДНК-технология определения риска развития разных вариантов сочетанных эндокринных заболеваний, основанная на оценке фенотипических, биохимических, молекулярно-генетических</p>
---	--	-----------	----------	----------	----------	----------	----------	--

							<p>особенностей человека</p> <p>Методика применения ДНК-маркеров для оценки вероятной эффективности методов реабилитации пациентов с сочетанными эндокринными заболеваниями</p> <p>Инструкция по применению, содержащая протоколы тестирования наиболее информативных молекулярно-генетических маркеров и алгоритм</p>
--	--	--	--	--	--	--	--

							<p>определения риска развития заболевания, учитывающий фенотипические, биохимические, молекулярно-генетические особенности пациента</p> <p>Инструкция по применению по молекулярно-генетической диагностике заболеваний тромбогенного характера</p> <p>Методика применения ДНК-маркеров в оценке индивидуального риска заболеваний костно-мышечной</p>
--	--	--	--	--	--	--	--

							<p>системы для практической работы по составлению заключений о результатах генетического тестирования</p> <p>Инструкция по применению по выявлению индивидуального риска развития тяжелого остеопороза на основании генетического, клинического и лабораторно-инструментального обследования</p> <p>Инструкция по применению по определению</p>
--	--	--	--	--	--	--	---

								<p>типов несовершенного остеогенеза</p> <p>ДНК-технология определения риска развития ювенильных аутоиммунных заболеваний, содержащая алгоритм оценки риска одного или нескольких аутоиммунных заболеваний</p> <p>Инструкция по применению по использованию разработанной технологии</p> <p>ДНК-технология генетического тестирования</p>
--	--	--	--	--	--	--	--	--



							<p>пациентов с онкопатологиями</p> <p>Инструкция по применению разработанной технологии</p> <p>Методика применения ДНК-маркеров для стратификации с определением индивидуального базового профиля риска синдрома внезапной смерти и прогрессирующей сердечной недостаточности у пациентов с диагностированными генетически детерминированными</p>
--	--	--	--	--	--	--	---

								некоронарогенным и заболеваниями
Мероприятие 7 Разработка и изготовление опытных образцов инновационных наборов реагентов для идентификации личности и установления родства на основе STR- и SNP-маркеров методом массового параллельного секвенирования	2017 - 2021	Всего: 405 123,0 0 в том числе: РФ: 384 723,0 РБ: 20 400,0	Всего: 24 925,9 в том числе: РФ: 24 925,9 РБ: 0,0	Всего: 141 822,6 в том числе: РФ: 141 822,6 РБ: 0,0	Всего: 73 605,6 в том числе: РФ: 73 605,6 РБ: 0,0	Всего: 124 713,2 в том числе: РФ: 113 063,2 РБ: 11 650,0	Всего: 40 055,7 в том числе: РФ: 31 305,7 РБ: 8 750,0	Опытный образец набора реагентов для определения вероятной внешности индивида на основе характеристик его ДНК и инструкция по его применению для определения характеристик ДНК  Опытный образец набора реагентов для определения вероятной этногеографической и популяционной принадлежности индивида на

							<p>основе характеристик его ДНК и инструкция по его применению для определения характеристик ДНК</p> <p>Опытный образец набора реагентов для ДНК- идентификации неизвестного индивида и инструкция по его применению для определения характеристик ДНК</p> <p>Опытный образец набора реагентов для выявления метаболитов в биологических</p>
--	--	--	--	--	--	--	--

								<p>образцах и инструкция по его применению для выявления метаболитов в биологических образцах</p> <p>Техническая документация по применению наборов реагентов (для 4 наборов)</p>
<p>Мероприятие 8 Адаптация применения разработанных отечественных инновационных наборов реагентов для ДНК-идентификации и по деградированным</p>	<p>2017 - 2021</p>	<p>Всего: 95 020,4 в том числе: РФ: 69 620,4 РБ: 25 400</p>	<p>Всего: 8 491,1 в том числе: РФ: 8 491,1 РБ: 0</p>	<p>Всего: 12 885,0 в том числе: РФ: 12 885,0 РБ: 0</p>	<p>Всего: 20 485,7 в том числе: РФ: 20 485,7 РБ: 0</p>	<p>Всего: 29 246,5 в том числе: РФ: 12 596,5 РБ: 16 650</p>	<p>Всего: 23 912,1 в том числе: РФ: 15 162,1 РБ: 8 750</p>	<p>ДНК-технология определения полной последовательности и нуклеотидов митохондриальной ДНК на малых количествах ДНК и деградированной ДНК</p> <p>ДНК-технология</p>

<p>ой ДНК и ДНК из малых количеств биоматериала</p>								<p>определения пола на малых количествах ДНК и деградированной ДНК</p> <p>Методические рекомендации по применению ДНК- технологии определения пола на малых количествах ДНК и деградированной ДНК</p> <p>Методические рекомендации по применению ДНК- технологии определения полной последовательност и нуклеотидов митохондриальной ДНК на малых</p>
---	--	--	--	--	--	--	--	---

							<p>количествах ДНК и деградированной ДНК</p> <p>Опытный образец набора реагентов для идентификации пола по ДНК на малых количествах ДНК и деградированной ДНК и инструкция по его применению</p> <p>Опытный образец набора реагентов для полного секвенирования митохондриальной ДНК на малых количествах ДНК и деградированной ДНК и инструкция по его</p>
--	--	--	--	--	--	--	---

								применению Техническая документация по применению наборов реагентов для ДНК-идентификации по деградированной ДНК и ДНК из малых количеств биоматериала (не менее 5 наборов)
Мероприятие 9 Разработка и изготовление опытных образцов наборов реагентов для выявления генетических ДНК-маркеров риска развития широко	2017 - 2021	Всего: 30 500,0 в том числе: РФ: 0,0 РБ: 30 500,0	Всего: 2 440,0 в том числе: РФ: 0,0 РБ: 2 440,0	Всего: 10 279,0 в том числе: РФ: 0,0 РБ: 10 279,0	Всего: 8 235,0 в том числе: РФ: 0,0 РБ: 8 235,0	Всего: 6 100,0 в том числе: РФ: 0,0 РБ: 6 100,0	Всего: 3 446,0 в том числе: РФ: 0,0 РБ: 3 446,0	Опытные образцы наборов реагентов, предназначенных для выявления генетической предрасположенности к возникновению широко распространенных заболеваний, и инструкция по их

распространенных (сердечно-сосудистых и эндокринных) заболеваний для применения в криминалистике								применению
Мероприятие 10 Разработка методики формирования баз данных для целей ДНК-идентификации в смешанном населении мегаполиса и прогноза динамики генофонда мегаполиса под	2017 - 2021	Всего: 54 648,4 в том числе: РФ: 19 409,9 РБ: 35 238,5	Всего: 2 175,4 в том числе: РФ: 2 175,4 РБ: 0	Всего: 16 734,6 в том числе: РФ: 5 634,6 РБ: 11 100	Всего: 24 490,6 в том числе: РФ: 6 452,1 РБ: 18 038,5	Всего: 7 691,7 в том числе: РФ: 1 591,7 РБ: 6 100	Всего: 3 556,1 в том числе: РФ: 3 556,1 РБ: 0	Базы данных "Мегаполис-ДНК-1Р", "Мегаполис-ДНК-2Р"  Методика формирования баз данных для исследования идентификационных маркеров у смешанного населения мегаполиса  Методика



воздействием миграционных процессов								прогнозирования изменений распределения ДНК-маркеров у населения мегаполисов Союзного государства под воздействием миграционных процессов
	ВСЕГО по Программе:	Всего: 1 990 038,5 в том числе: РФ: 1 293 500,0 РБ: 696 538,5	Всего: 170 518,7 в том числе: РФ: 114 255,3 РБ: 56 263,4	Всего: 666 495,9 в том числе: РФ: 431 683,9 РБ: 234 812,0	Всего: 544 439,0 в том числе: РФ: 354 993,0 РБ: 189 446,0	Всего: 385 179,4 в том числе: РФ: 247 247,1 РБ: 137 932,3	Всего: 223 405,5 в том числе: РФ: 145 320,7 РБ: 78 084,8	

#### **4. Финансовое обеспечение Программы**

Финансирование Программы исходя из ее характера и намеченных к достижению результатов предусматривается исключительно за счет средств бюджета Союзного государства.

Финансовое обеспечение Программы осуществляется в соответствии с Декретом Высшего Государственного Совета Союзного государства от 3 марта 2015 г. N 3 "О Порядке формирования и исполнения бюджета Союзного государства".

Запрашиваемые объемы средств бюджета Союзного государства рассчитаны на основании существующих методик планирования затрат на научно-исследовательские, опытно-конструкторские и технологические работы исходя из предлагаемого перечня мероприятий Программы.

Расчет расходов на оплату труда по категориям работников в целях обоснования потребности в финансовых ресурсах на реализацию российской части Программы, учитывая специфику предусмотренных программных мероприятий, осуществлялся исходя из уровня средней заработной платы отдельных категорий работников в научных организациях, подведомственных ФАНО России. Расчет расходов на реактивы и на услуги сторонних организаций для выполнения мероприятий российской части Программы произведен методом сопоставимых рыночных цен (анализа рынка) на основании информации о рыночных ценах (далее - ценовая информация) аналогичных товаров, работ, услуг, планируемых к закупкам. Ценовая информация получена от трех поставщиков (подрядчиков, исполнителей) по каждой из позиций, в расчет включены минимальные из них.

Порядок расчетов расходов на оплату труда по категориям работников в целях обоснования потребности в финансовых ресурсах на реализацию белорусской части Программы, учитывая специфику предусмотренных программных мероприятий, определяется нормативными правовыми актами Республики Беларусь:

Указом Президента Республики Беларусь от 28 декабря 1999 г. N 770 "О мерах по совершенствованию условий оплаты труда работников бюджетных организаций и иных организаций, получающих субсидии, работники которых приравнены по оплате труда к работникам бюджетных организаций";

постановлением Министерства труда Республики Беларусь от 21 января 2000 г. N 6 "О мерах по совершенствованию условий оплаты труда работников бюджетных организаций и иных организаций,

получающих субсидии, работники которых приравнены по оплате труда к работникам бюджетных организаций".

Расчет расходов на реактивы для выполнения мероприятий белорусской части Программы, а также расходов статьи "Спецоборудование" произведен методом сопоставимых рыночных цен (анализа рынка) на основании информации о рыночных ценах (далее - ценовая информация) идентичных товаров, работ, услуг, планируемых к закупкам.

Начисления на оплату труда приняты в размерах, установленных национальными нормативными правовыми актами государств-участников.

Все исследования намечается проводить на базе уже имеющихся у российской стороны коллекций популяционных биологических материалов и ДНК, представляющих генетические характеристики населения территории Российской Федерации, включая основные источники миграций.

Финансирование за счет средств бюджета Союзного государства работ по сбору коллекций, защите результатов интеллектуальной деятельности и биологических материалов на территории Российской Федерации не предусматривается.

Исследования, выполняемые белорусской стороной в ходе реализации Программы, включают работы по сбору биологических образцов с характеристиками, необходимыми для выполнения мероприятий 1 - 6 и 10, и их последующему анализу по методикам, соответствующим и сопоставимым с разработками российской стороны. Финансовое обеспечение указанных работ предполагается осуществлять белорусской стороной в рамках Программы за счет средств бюджета Союзного государства.

С учетом вышеизложенного предельный объем финансовых средств, необходимых для реализации Программы за счет средств бюджета Союзного государства, составляет 1 990 038,5 тысячи российских рублей (Один миллиард девятьсот девяносто миллионов тридцать восемь тысяч пятьсот российских рублей) в ценах соответствующих лет, в том числе за счет долевых отчислений: Российской Федерации в бюджет Союзного государства - 1 293 500,0 тысячи российских рублей, Республики Беларусь - 696 538,5 тысячи российских рублей.

Средства бюджета Союзного государства, выделенные на реализацию Программы, будут направлены на выполнение научно-исследовательских, опытно-конструкторских и технологических работ.

Расходы на прочие нужды и капитальные вложения не предусмотрены. Привлечение внебюджетных средств на реализацию

Программы также не предусматривается.

Потребность в финансовых ресурсах на реализацию Программы с распределением по территориям государств-участников и по годам реализации Программы соответствует долевному участию государств-участников в финансировании Программы и приведена в таблице 12.

Распределение финансовых ресурсов по мероприятиям Программы, направлениям расходования средств и по годам ее реализации приведено в таблице 13.

Таблица 12

### Финансовое обеспечение Программы по годам ее реализации

в тысячах российских рублей

Годы реализации	Всего за счет средств бюджета Союзного государства (в ценах соответствующих лет)	В том числе за счет долевого отчисления в бюджет Союзного государства:	
		Россия	Беларусь
2017	170 518,7	114 255,3	56 263,4
2018	666 495,9	431 683,9	234 812,0
2019	544 439,0	354 993,0	189 446,0
2020	385 179,4	247 247,1	137 932,3
2021	223 405,5	145 320,7	78 084,8
Всего	1 990 038,5	1 293 500,0	696 538,5

Таблица 13

**Распределение финансовых ресурсов по мероприятиям Программы, направлениям расходования средств и по годам ее реализации**

Наименование мероприятия	Источник финансирования	Финансовое обеспечение работ по Программе (в тыс. российских рублей в ценах соответствующих лет)					
		всего, в том числе по направлениям расходования	в том числе по годам				
			2017	2018	2019	2020	2021
Научно-техническая программа Союзного государства "Разработка инновационных геногеографических и геномных технологий"	Всего за счет средств бюджета Союзного государства, в том числе:	<b>1 990 038,5</b>	<b>170 518,7</b>	<b>666 495,9</b>	<b>544 439,0</b>	<b>385 179,4</b>	<b>223 405,5</b>
		в том числе НИОКР	170 518,7	666 495,9	544 439,0	385 179,4	223 405,5
	За счет долевых отчислений России в	<b>1 293 500,0</b>	<b>114 255,3</b>	<b>431 683,9</b>	<b>354 993,0</b>	<b>247 247,1</b>	<b>145 320,7</b>
		в том	114	431	354	247	145

идентификации личности и индивидуальных особенностей человека на основе изучения генофондов регионов Союзного государства" ("ДНК-идентификация")	бюджет Союзного государства	числе НИОКР	255,3	683,9	993,0	247,1	320,7	
	За счет долевых отчислений Беларуси в бюджет Союзного государства		<b>696 538,5</b>	<b>56 263,4</b>	<b>234 812,0</b>	<b>189 446,0</b>	<b>137 932,3</b>	<b>78 084,8</b>
		в том числе НИОКР	56 263,4	234 812,0	189 446,0	137 932,3	78 084,8	
Мероприятие 1. Разработка технологии определения вероятной внешности неизвестного индивида по характеристикам его ДНК	Всего за счет средств бюджета Союзного государства, в том числе:		<b>155 496,8</b>	<b>13 501,8</b>	<b>52 776,4</b>	<b>45 326,5</b>	<b>26 437,7</b>	<b>17 454,4</b>
		в том числе НИОКР	13 501,8	52 776,4	45 326,5	26 437,7	17 454,4	
	За счет долевых отчислений России в бюджет Союзного государства		<b>79 996,8</b>	<b>7 461,8</b>	<b>27 332,4</b>	<b>24 941,5</b>	<b>11 337,7</b>	<b>8 923,4</b>
		в том числе НИОКР	7 461,8	27 332,4	24 941,5	11 337,7	8 923,4	

	За счет долевых отчислений Беларуси в бюджет Союзного государства	<b>75 500,0</b>	<b>6 040,0</b>	<b>25 444,0</b>	<b>20 385,0</b>	<b>15 100,0</b>	<b>8 531,0</b>
	в том числе НИОКР		6 040,0	25 444,0	20 385,0	15 100,0	8 531,0
Мероприятие 2. Разработка методики определения вероятного возраста индивида по характеристикам его ДНК	Всего за счет средств бюджета Союзного государства, в том числе:	<b>140 218,2</b>	<b>11 951,2</b>	<b>47 200,8</b>	<b>40 576,8</b>	<b>24 511,6</b>	<b>15 977,8</b>
	в том числе НИОКР		11 951,2	47 200,8	40 576,8	24 511,6	15 977,8
	За счет долевых отчислений России в бюджет Союзного государства	<b>64 718,2</b>	<b>5 911,2</b>	<b>21 756,8</b>	<b>20 191,8</b>	<b>9 411,6</b>	<b>7 446,8</b>
	в том числе НИОКР		5 911,2	21 756,8	20 191,8	9 411,6	7 446,8
	За счет долевых отчислений Беларуси в	<b>75 500,0</b>	<b>6 040,0</b>	<b>25 444,0</b>	<b>20 385,0</b>	<b>15 100,0</b>	<b>8 531,0</b>
	в том		6 040,0	25 444,0	20 385,0	15	8 531,0

	бюджет Союзного государства	числе НИОКР				100,0	
Мероприятие 3. Разработка ДНК- технологии определения наиболее вероятного этногеографическо го происхождения неизвестного индивида по характеристикам его ДНК	Всего за счет средств бюджета Союзного государства, в том числе:	<b>401 052,5</b>	<b>33</b> <b>407,2</b>	<b>124</b> <b>903,0</b>	<b>144</b> <b>786,6</b>	<b>55</b> <b>027,0</b>	<b>42</b> <b>928,7</b>
		в том числе НИОКР	33 407,2	124 903,0	144 786,6	55 027,0	42 928,7
	За счет долевых отчислений России в бюджет Союзного государства	<b>363 302,5</b>	<b>33</b> <b>407,2</b>	<b>117</b> <b>703,0</b>	<b>114</b> <b>786,6</b>	<b>54</b> <b>477,0</b>	<b>42</b> <b>928,7</b>
		в том числе НИОКР	33 407,2	117 703,0	114 786,6	54 477,0	42 928,7
	За счет долевых отчислений Беларуси в бюджет Союзного государства	<b>37 750,0</b>	<b>0,0</b>	<b>7 200,0</b>	<b>30 000,0</b>	<b>550,0</b>	<b>0,0</b>
		в том числе НИОКР	0,0	7 200,0	30 000,0	550,0	0,0



Мероприятие 4. Разработка технологии ДНК- идентификации и определения популяционной принадлежности неизвестного индивида	Всего за счет средств бюджета Союзного государства, в том числе:	<b>293 471,0</b>	<b>18 687,6</b>	<b>141 220,5</b>	<b>71 594,7</b>	<b>41 645,8</b>	<b>20 322,4</b>
	в том числе НИОКР		18 687,6	141 220,5	71 594,7	41 645,8	20 322,4
	За счет долевых отчислений России в бюджет Союзного государства	<b>179 721,0</b>	<b>18 687,6</b>	<b>60 020,5</b>	<b>54 594,7</b>	<b>26 095,8</b>	<b>20 322,4</b>
	в том числе НИОКР		18 687,6	60 020,5	54 594,7	26 095,8	20 322,4
	За счет долевых отчислений Беларуси в бюджет Союзного государства	<b>113 750,0</b>	<b>0,0</b>	<b>81 200,0</b>	<b>17 000,0</b>	<b>15 550,0</b>	<b>0,0</b>
	в том числе НИОКР		0,0	81 200,0	17 000,0	15 550,0	0,0
Мероприятие 5. Разработка методики определения	Всего за счет средств бюджета Союзного	<b>233 308,2</b>	<b>40 442,5</b>	<b>57 610,0</b>	<b>66 413,5</b>	<b>33 565,9</b>	<b>35 276,3</b>
	в том		40	57 610,0	66 413,5	33	35

статуса генетических локусов и прижизненной модификации участков ДНК, влияющих на психоэмоциональный статус человека	государства, в том числе:	числе НИОКР	442,5			565,9	276,3	
	За счет долевых отчислений России в бюджет Союзного государства		<b>132 008,2</b>	<b>13 195,1</b>	<b>44 529,0</b>	<b>39 935,0</b>	<b>18 673,6</b>	<b>15 675,5</b>
		в том числе НИОКР	13 195,1	44 529,0	39 935,0	18 673,6	15 675,5	
	За счет долевых отчислений Беларуси в бюджет Союзного государства		<b>101 300,0</b>	<b>27 247,4</b>	<b>13 081,0</b>	<b>26 478,5</b>	<b>14 892,3</b>	<b>19 600,8</b>
		в том числе НИОКР	27 247,4	13 081,0	26 478,5	14 892,3	19 600,8	
	Мероприятие 6. Определение генетических механизмов риска широко распространенных заболеваний	Всего за счет средств бюджета Союзного государства, в том числе:		<b>181 200,0</b>	<b>14 496,0</b>	<b>61 064,0</b>	<b>48 924,0</b>	<b>36 240,0</b>
в том числе НИОКР			14 496,0	61 064,0	48 924,0	36 240,0	20 476,0	
За счет		<b>0,0</b>	<b>0,0</b>	<b>0,0</b>	<b>0,0</b>	<b>0,0</b>	<b>0,0</b>	

(сердечно-сосудистых, эндокринных, аутоиммунных, костно-мышечных, онкологических и некоронарогенных заболеваний сердца), а также разработка геномных технологий выявления их ДНК-маркеров для применения в криминалистике	долевых отчислений России Долевые отчисления России в бюджет Союзного государства	в том числе НИОКР	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
	За счет долевых отчислений Беларуси в бюджет Союзного государства	<b>181 200,0</b>	<b>14 496,0</b>	<b>61 064,0</b>	<b>48 924,0</b>	<b>36 240,0</b>	<b>20 476,0</b>
	в том числе НИОКР	14 496,0	61 064,0	48 924,0	36 240,0	20 476,0	
Мероприятие 7. Разработка и изготовление опытных образцов инновационных наборов реагентов для идентификации	Всего за счет средств бюджета Союзного государства, в том числе:	<b>405 123,0</b>	<b>24 925,9</b>	<b>141 822,6</b>	<b>73 605,6</b>	<b>124 713,2</b>	<b>40 055,7</b>
	в том числе НИОКР	24 925,9	141 822,6	73 605,6	124 713,2	40 055,7	
	За счет долевых	<b>384 723,0</b>	<b>24 925,9</b>	<b>141 822,6</b>	<b>73 605,6</b>	<b>113 063,2</b>	<b>31 305,7</b>

личности и установления родства на основе STR- и SNP-маркеров методом массового параллельного секвенирования	отчислений России в бюджет Союзного государства	в том числе НИОКР	24 925,9	141 822,6	73 605,6	113 063,2	31 305,7	
	За счет долевых отчислений Беларуси в бюджет Союзного государства		<b>20 400,0</b>	<b>0,0</b>	<b>0,0</b>	<b>0,0</b>	<b>11 650,0</b>	<b>8 750,0</b>
		в том числе НИОКР	0,0	0,0	0,0	11 650,0	8 750,0	
Мероприятие 8. Адаптация применения разработанных отечественных инновационных наборов реагентов для ДНК-идентификации по деградированной ДНК и ДНК из малых количеств	Всего за счет средств бюджета Союзного государства, в том числе:		<b>95 020,4</b>	<b>8 491,1</b>	<b>12 885,0</b>	<b>20 485,7</b>	<b>29 246,5</b>	<b>23 912,1</b>
		в том числе НИОКР	8 491,1	12 885,0	20 485,7	29 246,5	23 912,1	
	За счет долевых отчислений России в бюджет Союзного		<b>69 620,4</b>	<b>8 491,1</b>	<b>12 885,0</b>	<b>20 485,7</b>	<b>12 596,5</b>	<b>15 162,1</b>
		в том числе НИОКР	8 491,1	12 885,0	20 485,7	12 596,5	15 162,1	

биоматериала	государства						
	За счет долевых отчислений Беларуси в бюджет Союзного государства	<b>25 400,0</b>	<b>0,0</b>	<b>0,0</b>	<b>0,0</b>	<b>16 650,0</b>	<b>8 750,0</b>
	в том числе НИОКР	0,0	0,0	0,0	16 650,0	8 750,0	
Мероприятие 9. Разработка и изготовление опытных образцов наборов реагентов для выявления ДНК-маркеров риска развития широко распространенных (сердечно-сосудистых и эндокринных) заболеваний для применения в криминалистике	Всего за счет средств бюджета Союзного государства, в том числе:	<b>30 500,0</b>	<b>2 440,0</b>	<b>10 279,0</b>	<b>8 235,0</b>	<b>6 100,0</b>	<b>3 446,0</b>
	в том числе НИОКР		2 440,0	10 279,0	8 235,0	6 100,0	3 446,0
	За счет долевых отчислений России в бюджет Союзного государства	<b>0,0</b>	<b>0,0</b>	<b>0,0</b>	<b>0,0</b>	<b>0,0</b>	<b>0,0</b>
	в том числе НИОКР		0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
	За счет долевых	<b>30 500,0</b>	<b>2 440,0</b>	<b>10 279,0</b>	<b>8 235,0</b>	<b>6 100,0</b>	<b>3 446,0</b>
	в том		2 440,0	10 279,0	8 235,0	6 100,0	3 446,0

	отчислений Беларуси в бюджет Союзного государства	числе НИОКР					
Мероприятие 10. Разработка методики формирования баз данных для целей ДНК- идентификации в смешанном населении мегаполиса и прогноза динамики генофонда мегаполиса под воздействием миграционных процессов	Всего за счет средств бюджета Союзного государства, в том числе:	<b>54 648,4</b>	<b>2 175,4</b>	<b>16 734,6</b>	<b>24 490,6</b>	<b>7 691,7</b>	<b>3 556,1</b>
		в том числе НИОКР	2 175,4	16 734,6	24 490,6	7 691,7	3 556,1
	За счет долевых отчислений России в бюджет Союзного государства	<b>19 409,9</b>	<b>2 175,4</b>	<b>5 634,6</b>	<b>6 452,1</b>	<b>1 591,7</b>	<b>3 556,1</b>
		в том числе НИОКР	2 175,4	5 634,6	6 452,1	1 591,7	3 556,1
	За счет долевых отчислений Беларуси в бюджет Союзного	<b>35 238,5</b>	<b>0,0</b>	<b>11 100,0</b>	<b>18 038,5</b>	<b>6 100,0</b>	<b>0,0</b>
		в том числе НИОКР	0,0	11 100,0	18 038,5	6 100,0	0,0

	государства						
--	-------------	--	--	--	--	--	--

При распределении финансирования учтены сведения по необходимому объему финансирования каждого мероприятия в целом и по территории России и Беларуси соответственно с учетом участия каждой из сторон в его реализации на основании предпроектных технических проработок, оценки имеющихся у предполагаемых исполнителей технологических возможностей, научной, ресурсной и приборной базы, включая наличие коллекций популяционных материалов и договоров с предполагаемыми потребителями, необходимых для проведения планируемых работ и апробации полученных результатов, а также с учетом заинтересованности каждого из государств-участников в ожидаемых результатах.

Настоящей Программой не предусматривается привлечение внебюджетных средств.

Все финансовые ресурсы, выделяемые из бюджета Союзного государства на реализацию Программы, будут направлены в полном объеме на проведение научных исследований, научно-исследовательских, опытно-конструкторских и технологических работ. В рамках мероприятий Программы расходы на капитальные вложения за счет средств бюджета Союзного государства не предусматриваются.

При этом финансовые средства в объеме долевых отчислений Российской Федерации направляются только российским организациям, а финансовые средства в объеме долевых отчислений Республики Беларусь только организациям Республики Беларусь.

## **5. Организация управления Программой и контроля за ходом ее реализации**

Постановлением Совета Министров Союзного государства от 12 мая 2016 г. N 12 "О Концепции научно-технической программы Союзного государства "Разработка инновационных геногеографических и геномных технологий идентификации личности и индивидуальных особенностей человека на основе изучения генофондов регионов Союзного государства" ("ДНК-идентификация")" определены:

государственный заказчик - координатор Программы - Федеральное агентство научных организаций (далее - государственный заказчик-координатор или ФАНО России соответственно);

государственные заказчики Программы - Национальная академия наук Беларуси (далее - НАН Беларуси) и ФАНО России.

В соответствии с Порядком разработки и реализации программ Союзного государства, утвержденным постановлением Совета Министров Союзного государства от 11 октября 2000 г. N 7 (в редакции



постановления Совета Министров Союзного государства от 13 декабря 2013 г. N 23) (далее - Порядок разработки и реализации программ Союзного государства), государственный заказчик-координатор и государственный заказчик организуют реализацию Программы, обеспечивают достижение поставленных целей, несут ответственность за своевременное освоение средств, выделяемых из бюджета Союзного государства на реализацию Программы, их целевое, эффективное использование.

Реализация Программы осуществляется на основе государственных контрактов, заключаемых государственными заказчиками Программы с соответствующими исполнителями на весь срок реализации Программы в порядке, установленном национальным законодательством государств-участников, регулирующим вопросы закупок товаров, работ, услуг для обеспечения государственных нужд.

По результатам предварительного отбора в целях обеспечения единства управления и ответственности за достижение намеченных результатов в Республике Беларусь НАН Беларуси заключает контракт на реализацию Программы с государственным научным учреждением-исполнителем.

В Республике Беларусь предполагаемый исполнитель Программы - государственное научное учреждение "Институт генетики и цитологии НАН Беларуси" (далее - ГНУ "Институт генетики и цитологии") на основании Положения о порядке разработки и выполнения научно-технических программ, утвержденного постановлением Совета Министров Республики Беларусь от 31 августа 2005 г. N 961 (в ред. от 30 января 2016 г. N 76).

В Российской Федерации ФАНО России заключает государственные контракты на реализацию Программы с исполнителями, определяемыми в соответствии с положениями Федерального закона от 5 апреля 2013 г. N 44-ФЗ "О контрактной системе в сфере закупок товаров, работ, услуг для обеспечения государственных и муниципальных нужд", а также с учетом положений постановления Правительства Российской Федерации от 26 июня 1995 г. N 594 "О реализации Федерального закона "О поставках продукции для федеральных государственных нужд".

ФАНО России заключает государственный контракт на реализацию Программы в соответствии с разработанным детальным описанием функциональных, технологических и качественных характеристик объекта закупки (техническим заданием). Техническое задание должно включать в себя требования к проведению работ, измерениям, индикаторам, показателям и результатам, которые должны быть получены в рамках мероприятий Программы, соответствующие

положениям нормативных правовых актов Российской Федерации и документам, применяемым в национальной системе стандартизации, в том числе ГОСТам.

Требования к содержанию государственных контрактов устанавливаются национальным законодательством государственных участников. При этом срок их вступления в силу не может быть установлен ранее, чем дата доведения до государственного заказчика-координатора и государственного заказчика объемов финансирования Программы из бюджета Союзного государства на первый год реализации Программы.

Копии государственных контрактов со всеми приложениями направляются в Постоянный Комитет Союзного государства в течение 10 дней с момента их заключения.

Предполагаемые российский исполнитель Программы и исполнитель белорусской части Программы в случае необходимости по согласованию с государственными заказчиками могут привлекать к выполнению мероприятий Программы соисполнителей.

ФАНО России и НАН Беларуси осуществляют функции государственного заказчика-координатора и государственного заказчика, предусмотренные Порядком разработки и реализации программ Союзного государства.

В ходе реализации Программы ФАНО России, как государственный заказчик - координатор Программы, осуществляет следующие функции:

руководство управлением реализации Программы в целом, в том числе координацию действий с НАН Беларуси по управлению реализацией;

контроль за реализацией Программы в целом, целевым и эффективным использованием выделенных на ее реализацию средств бюджета Союзного государства;

ежегодно в установленном порядке представляет в финансовый орган Союзного государства (до его образования - в Постоянный Комитет Союзного государства) бюджетную заявку с необходимыми обоснованиями на финансирование Программы в целом из бюджета Союзного государства;

взаимодействует с Постоянным Комитетом Союзного государства по всем вопросам реализации и финансирования Программы.

Государственные заказчики в части мероприятий Программы, относящихся к их компетенции и реализуемых на территории соответствующего государства-участника:

осуществляют управление реализацией мероприятий Программы и несут в установленном порядке ответственность за реализацию мероприятий Программы и достижение их результатов, своевременное,

целевое и эффективное использование средств, выделяемых из бюджета Союзного государства;

распределяют средства бюджета Союзного государства, выделенные на реализацию Программы, в соответствии с Порядком формирования и исполнения бюджета Союзного государства;

осуществляют контроль за реализацией закрепленных за ним мероприятий Программы, входят в состав структур, формируемых для контроля за реализацией Программы;

заключают государственные контракты на выполнение работ (оказание услуг) по реализации Программы (мероприятий Программы);

ежегодно в течение 30 дней после доведения на текущий финансовый год объемов финансирования Программы из бюджета Союзного государства заключают необходимые для реализации государственных контрактов дополнительные соглашения с исполнителями мероприятий;

ежегодно в установленном порядке формируют заявки на финансирование соответствующих мероприятий Программы из бюджета Союзного государства с необходимыми обоснованиями;

в пределах своей компетенции контролируют ход выполнения мероприятий и достижение целевых индикаторов и показателей, установленных Программой, своевременное, целевое и эффективное использование средств, выделенных из бюджета Союзного государства на реализацию Программы;

взаимодействуют между собой, другими государственными органами и Постоянным Комитетом Союзного государства по текущим вопросам реализации и финансирования соответствующих мероприятий Программы.

В целях осуществления контроля за реализацией Программы ФАНО России и НАН Беларуси создают, формируют и организуют работу Научно-технического совета. Структура, состав, полномочия и порядок деятельности Научно-технического совета определяются положением, утверждаемым ФАНО России и НАН Беларуси.

В порядке и сроки, установленные Порядком разработки и реализации программ Союзного государства, для осуществления контроля за ходом реализации Программы, достижением ее цели, своевременным целевым и эффективным расходованием средств бюджета Союзного государства, соблюдением условий государственных контрактов на реализацию Программы государственный заказчик-координатор совместно с государственным заказчиком представляют отчетность по Программе (статистическую, аналитическую, итоговую), а также проводят проверки выполнения мероприятий Программы и расходования средств бюджета Союзного

государства в ходе реализации Программы и по ее завершении.

Материалы по вопросу об итогах реализации Программы подготавливаются и вносятся ФАНО России совместно с НАН Беларуси на рассмотрение Совета Министров Союзного государства.

## **6. Ожидаемые результаты реализации Программы**

В результате реализации Программы планируется получить новую научную и научно-техническую продукцию. Планируемая к получению научная и (или) научно-техническая продукция должна представлять собой научные и научно-технические результаты интеллектуальной деятельности ученых и специалистов, предназначенные для дальнейшего использования в научных учреждениях, а также в криминалистических лабораториях.

Основными намеченными результатами реализации Программы является разработка соответствующих современному мировому уровню развития науки отечественных унифицированных инновационных ДНК-технологий (геногеографических и геномных) и методик для их применения в криминалистике, а также создание наборов реагентов для разработанных ДНК-технологий на основе результатов научных исследований, а также научно-исследовательских, опытно-конструкторских и технологических работ и научно-технических разработок.

Новыми и важными для науки результатами Программы должна стать геномная информация о: 1) составе и генетических источниках формирования генофонда каждого из обследованных народов Союзного государства; 2) конкретных составляющих генетического сходства/различия, родства и особенностях генофонда каждого народа; 3) географических путях расселения предковых народов при формировании популяций, составляющих население Союзного государства; 4) генетических механизмах возникновения и развития широко распространенных заболеваний, способах определения генетической предрасположенности индивида к опасным патологиям, а также психоэмоциональных особенностях личности.

Полученные новые знания должны позволить определять по результатам анализа ДНК вероятный этногеографический регион происхождения, пол и характерные черты внешности неизвестного индивида, а также давать психоэмоциональную и медико-генетическую характеристику.

Должны быть также получены новые знания о генетической структуре населения регионов Российской Федерации и Республики Беларусь.

Основными ожидаемыми результатами экспериментальных разработок по Программе будут унифицированные инновационные ДНК-технологии (генеогеографические и геномные) и методики их применения, используемые в криминалистике. Кроме того, должны быть разработаны новые отечественные наборы реагентов и методы их применения для фундаментальных и прикладных генетических исследований при проведении научных исследований и при проведении идентификации личности в криминалистических лабораториях.

Непосредственно в ходе реализации Программы предусматривается верифицировать разработанные ДНК-технологии.

Результатом Программы является новое научно-практическое знание - выявление координат участков ДНК, которые необходимо охарактеризовать (генотипировать) при практическом применении результатов Программы для населения Союзного государства (эти участки называются "высокоинформативные генетические маркеры"), база данных о генофондах населения регионов Союзного государства (информация) и компьютерные программы.

Практическое приложение полученных результатов будет состоять из двух частей - экспериментальное определение характеристик выявленных участков ДНК (определение генетического и эпигенетического профиля по специфичным для населения участкам ДНК) и сравнение установленного генетического или эпигенетического профиля с базами данных для определения этногеографического происхождения, популяционной принадлежности, внешних признаков, возраста, психоэмоционального статуса индивида и риска широко распространенных заболеваний - сердечно-сосудистых, эндокринных, аутоиммунных, костно-мышечных, онкологических и некоронарогенных заболеваний сердца.

Полученные научные и (или) научно-технические результаты как продукт научной и (или) научно-технической деятельности исполнителей Программы будут зафиксированы в научных и научно-технических отчетах на основании технической документации, методиках, методических указаниях, инструкциях, базах данных, компьютерных программах, патентных заявках в российские, белорусские и/или международные патентные ведомства, научных докладах. С учетом специфики планируемых к достижению результатов коммерциализация полученных научных и научно-технических результатов или коммерческая реализация научной и научно-технической продукции на свободном рынке не предусматривается.

Разработанные генеогеографические и геномные ДНК-технологии и методики планируются для применения в работе существующих научно-исследовательских лабораторий научных учреждений

Российской академии наук и в криминалистических лабораториях правоохранительных органов Российской Федерации и центральном аппарате Государственного комитета судебных экспертиз Республики Беларусь, уже имеющих необходимую лабораторно-технологическую базу.

Разработанные ДНК-технологии по оценке рисков перечисленных заболеваний с выраженной наследственной предрасположенностью и методики для их применения будут внедрены в Республиканском центре геномных биотехнологий НАН Беларуси и в учреждениях Министерства здравоохранения Республики Беларусь.

Индикаторы и показатели реализации Программы "ДНК-идентификация" приведены в таблице 14.

Таблица 14

Индикаторы и показатели, всего 2017 - 2021 гг.	Единица измерения	Количество по годам реализации: всего (РФ/РБ)					Всего
	шт.	2017 г.	2018 г.	2019 г.	2020 г.	2021 г.	
<b>ДНК-технологии определения признаков индивида</b> <b>в том числе:</b>	шт.			2 (2/0)		6 (3/3)	<b>8 (5/3)</b>
ДНК-технология определения внешности по ДНК индивида;	шт.					1 (1/0)	
ДНК-технология определения вероятного этногеографического происхождения	шт.					1 (1/0)	

неизвестного индивида по характеристикам его ДНК;							
ДНК-технология ДНК-идентификации и определения популяционной принадлежности индивида;	шт.					1 (1/0)	
ДНК-технология определения пола на малых количествах ДНК и деградированной ДНК;	шт.			1 (1/0)			
ДНК-технология определения полной последовательности нуклеотидов митохондриальн	шт.			1 (1/0)			



ой ДНК на малых количествах ДНК и деградированной ДНК;							
ДНК-технология определения риска развития ювенильных аутоиммунных заболеваний, содержащая алгоритм оценки риска одного или нескольких аутоиммунных заболеваний;	шт.					1 (0/1)	
ДНК-технология генетического тестирования пациентов с онкопатологиями ;	шт.					1 (0/1)	

<p>ДНК-технология определения риска развития разных вариантов сочетанных эндокринных заболеваний, основанная на оценке фенотипических, биохимических, молекулярно-генетических особенностей человека</p>	шт.					1 (0/1)	
<p><b>Методики исследования и применения ДНК-маркеров для целей криминалистик и, всего:</b> <b>в том числе:</b></p>	шт.					9 (6/3)	<b>9 (6/3)</b>

методика определения вероятного возраста индивида по характеристике эпигенетического статуса его ДНК-маркеров для криминалистов;	шт.					1 (1/0)	
методика определения биологических составляющих психоэмоционального статуса индивида на основе исследования генетического и эпигенетического статуса его ДНК-маркеров и метаболитов;	шт.					3 (3/0)	

методика формирования баз данных для исследования идентификационных маркеров у смешанного населения мегаполиса;	шт.					1 (1/0)	
методика прогнозирования изменений распределения ДНК-маркеров у населения мегаполисов Союзного государства под воздействием миграционных процессов;	шт.					1 (1/0)	
методика применения ДНК-маркеров для оценки	шт.					1 (0/1)	

вероятной эффективности методов реабилитации пациентов с сочетанными эндокринными заболеваниями;							
методика применения ДНК-маркеров в оценке индивидуального риска заболеваний костно-мышечной системы для практической работы по составлению заключений о результатах генетического тестирования;	шт.					1 (0/1)	

методика применения ДНК-маркеров для стратификации с определением индивидуального базового профиля риска синдрома внезапной смерти и прогрессирующей сердечной недостаточности у пациентов с диагностированными генетически детерминированными некоронарогенными заболеваниями	шт.					1 (0/1)	
<b>Геногеографический атлас</b>	шт.					1 (1/0)	<b>1 (1/0)</b>

<p><b>частот встречаемости вариантов генетических локусов, который демонстрирует вариабельность частот генов в региональных группах населения и зависимость чувствительности и специфичности технологии от особенностей региональных генофондов</b></p>							
<p><b>Опытные образцы наборов реагентов для генетических</b></p>				<p>2 (2/0)</p>	<p>7 (1/6)</p>	<p>3 (3/0)</p>	<p><b>12 (6/6)</b></p>

<p><b>исследований и прикладных работ в криминалистических лабораториях, всего:</b></p> <p><b>в том числе:</b></p>							
<p>для определения вероятной внешности индивида на основе характеристик его ДНК;</p>					<p>1 (1/0)</p>		
<p>для определения вероятной этногеографической и популяционной принадлежности индивида на основе характеристик</p>						<p>1 (1/0)</p>	



его ДНК;							
для ДНК-идентификации неизвестного индивида;						1 (1/0)	
для выявления метаболитов в биологических образцах;						1 (1/0)	
для идентификации пола по ДНК на малых количествах ДНК и деградированной ДНК;				1 (1/0)			
для полного секвенирования митохондриальной ДНК на малых количествах				1 (1/0)			

ДНК и деградированной ДНК;							
для выявления генетической предрасположенности к возникновению широко распространенных заболеваний					6 (0/6)		
<b>Программное обеспечение для реализации ДНК-технологий:</b>						10 (10/0)	<b>10 (10/0)</b>
компьютерные программы;						2 (2/0)	2 (2/0)
базы данных генетических характеристик групп населения Союзного						8 (8/0)	8 (8/0)

государства							
<b>Свидетельства о государственно й регистрации баз данных</b>						8 (8/0)	<b>8 (8/0)</b>
<b>Публикации в научных изданиях, индексируемых в базах данных Web of Science или Scopus</b>						26 (18/8)	<b>26 (18/8)</b>
<b>Заявки на охранные документы, поданные в патентные ведомства, в том числе патентные ведомства Российской Федерации или</b>						3 (2/1)	<b>15 (12/3) 18 (14/4)</b>

<b>Республики Беларусь, или материальные носители с информацией, составляющей ноу-хау</b>							
---	--	--	--	--	--	--	--

## **7. Вопросы собственности**

До принятия нормативных правовых актов Союзного государства в области владения и управления собственностью Союзного государства права на объекты интеллектуальной собственности и продукцию, созданные в рамках реализации Программы на территории государств - участников Союзного государства, регулируются в соответствии с национальными законодательствами государств - участников Союзного государства с учетом их долевых отчислений на финансирование Программы в бюджет Союзного государства.

Объекты интеллектуальной собственности, созданные за счет долевых отчислений Российской Федерации, принадлежат Российской Федерации, а созданные за счет долевых отчислений Республики Беларусь - Республике Беларусь.

К объектам интеллектуальной собственности, созданным российскими организациями и подлежащим охране со стороны Российской Федерации, применяется законодательство Российской Федерации. К объектам интеллектуальной собственности, созданным белорусскими организациями и подлежащим охране со стороны Республики Беларусь, применяется законодательство Республики Беларусь.

Учет имущества и объектов интеллектуальной собственности, созданных и (или) приобретенных в результате выполнения Программы, осуществляется в порядке, установленном законодательством соответствующего государства - участника Союзного государства.

Решение о подтверждении прав владения и пользования имуществом принимает Совет Министров Союзного государства при рассмотрении итогового отчета о выполнении Программы.

## **8. Оценка ожидаемой социально-экономической и экологической эффективности Программы**

В результате реализации Программы прогнозируются следующие социально-экономические последствия:

повышение уровня безопасности Союзного государства от угроз терроризма за счет ускорения идентификации лиц, подготавливающих или совершивших террористические акты;

повышение уровня безопасности населения Союзного государства от террористических действий и тяжких серийных преступлений против личности за счет сокращения числа неустановленных подозреваемых в преступлениях, ускорения и повышения достоверности идентификации

подозреваемых в преступлениях и обеспечения правоохранительных органов объективными бесспорными доказательствами;

повышение эффективности расходования бюджетных средств на идентификацию и розыск подозреваемых в совершении терактов и тяжких серийных преступлений против личности.

Эти результаты способствуют достижению целей, обозначенных в Договоре о создании Союзного государства, и интегрируются с целями, задачами и показателями Стратегии национальной безопасности Российской Федерации, Концепции противодействия терроризму в Российской Федерации (утверждена Президентом Российской Федерации 5 ноября 2009 г.) и Национальной программы демографической безопасности Республики Беларусь (утверждена Указом Президента Республики Беларусь от 11 августа 2011 г.), направлены на защиту основных конституционных прав и свобод граждан.

Ожидаемые результаты научно-практических мероприятий, выполняемых в рамках Программы, соответствуют современным государственным приоритетам Российской Федерации и Республики Беларусь по развитию и практическим приложениям научных исследований и обеспечению научно-технического суверенитета и независимости от импорта высоких технологий.

Слагаемые социально-экономической эффективности Программы после внедрения ее результатов следующие:

возможность идентификации лиц, причастных к терактам или их подготовке, а также серийных преступников, неопознанных жертв аварий, катастроф, преступлений, военных конфликтов, других лиц, которые не могут быть идентифицированы другими методами, а данные геномной регистрации на них отсутствуют в соответствующих базах данных.