



UO'T: 575.11+575.17+575.857

Dinara TOSHEVA,

Adliya vazirligi huzuridagi X.Sulaymonova nomidagi Respublika sud ekspertiza markazi, Odam DNKsi sud biologik ekspertizasi laboratoriyasi davlat sud eksperti,
Biologiya va ekologiya fakulteti, Botanika va genetika kafedrasida mustaqil izlanuvchisi,
E-mail: lucky8682.dt@gmail.com

O'zMU dotsenti, b.f.d. I.Abdulov taqrizi asosida

POPULATION GENETIC CHARACTERIZATION OF THE D2S441 STR LOCI IN THE POPULATION OF UZBEKISTAN

Annotation

The allele distribution of the chromosomal locus D2S441 was studied in a random sample of the Uzbekistan population. Genotyping was performed for 1,538 unrelated individuals from 12 regions of Uzbekistan and the Republic of Karakalpakstan. The observed genotype frequencies were consistent with Hardy–Weinberg equilibrium. The main population genetic parameters of the locus, including random match probability, power of discrimination, polymorphism information content, power of exclusion, and paternity index, were calculated. The obtained data can be used for statistical interpretation of forensic molecular genetic identification results in the population of Uzbekistan.

Keywords: population, marker, loci, identification, frequency, allele, Uzbekistan.

ПОПУЛЯЦИОННО-ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА STR-ЛОКУСА D2S441 В ПОПУЛЯЦИИ УЗБЕКИСТАНА

Аннотация

Исследовано распределение аллелей хромосомного локуса D2S441 в случайной выборке населения Узбекистана. Генотипирование выполнено для 1538 неродственных лиц из 12 регионов Республики Узбекистан и Республики Каракалпакстан. Показано соответствие наблюдаемых частот генотипов равновесию Харди—Вайнберга. Рассчитаны основные популяционно-генетические параметры локуса: вероятность случайного совпадения, дискриминирующий потенциал, коэффициент полиморфизма, потенциал исключения и индекс отцовства. Полученные данные могут использоваться при интерпретации результатов судебно-генетической идентификации.

Ключевые слова: популяция, маркер, locus, идентификация, частота, аллель, Узбекистан.

O'ZBEKISTON POPULYATSIYASIDA D2S441 STR LOKUSINING POPULYATSION-GENETIK TAVSIFI

Annotatsiya

O'zbekiston aholisi tasodifiy tanlangan namunasida D2S441 xromosomal lokusining allellari taqsimoti o'rganildi. Genotiplash 12 ta hududdan olingan o'zaro qarindosh bo'lmagan 1538 nafar shaxsda amalga oshirildi. Kuzatilgan genotip chastotalari Xardi–Vaynberg muvozanatiga mos kelishi aniqlandi. Lokusning asosiy populyatsion-genetik ko'rsatkichlari - tasodifiy mos kelish ehtimoli, diskriminatsiya kuchi, polimorfizm axborot koeffitsienti, istisno qilish kuchi va otalik indeksi hisoblandi. Olingan natijalar sud-genetik identifikatsiya tadqiqotlarini tahlil qilishda qo'llanilishi mumkin.

Kalit so'zlar: populyatsiya, marker, lokus, identifikatsiya, chastota, allel, O'zbekiston.

Kirish. So'nggi yillarda sud-genetika sohasi jinoyatchilikni ochish, shaxsni identifikatsiya qilish va qarindoshlik munosabatlarini aniqlashda muhim ilmiy-amaliy yo'nalish sifatida keng rivojlanmoqda. Zamonaviy molekulyar-genetik texnologiyalar, xususan, qisqa tandem takrorlar (Short Tandem Repeats - STR) tahlili yuqori polimorfizm va diskriminatsion qobiliyatga egaligi sababli sud-ekspert amaliyotida keng qo'llaniladi.

Sud-genetik tadqiqotlar natijalarining ishonchliligi populyatsiyaga xos allel chastotalariga asoslanadi. Shu sababli har bir mamlakat uchun milliy populyatsion-genetik ma'lumotlar bazasini shakllantirish muhim ahamiyatga ega. Bunday ma'lumotlar identifikatsiya ehtimoli, diskriminatsiya kuchi va istisno qilish kuchi kabi asosiy statistik ko'rsatkichlarni aniq hisoblash imkonini beradi.

O'zbekiston hududi tarixan turli etnik guruhlar va migratsion jarayonlar ta'sirida shakllangan bo'lib, populyatsiyaning genetik tuzilishi murakkab va xilma-xildir. Shunga qaramay, ayrim autosomal STR lokuslari, jumladan D2S441 bo'yicha O'zbekiston populyatsiyasiga oid yetarli populyatsion-genetik ma'lumotlar hozircha cheklangan. Mazkur **tadqiqotning maqsadi** O'zbekiston populyatsiyasida D2S441 STR lokusi bo'yicha allel chastotalarini aniqlash, asosiy sud-genetik statistik ko'rsatkichlarni (MP, PD, PIC, PE, TPI, Hobs, Hexp va boshqalar) baholash hamda natijalarni boshqa populyatsiyalar bilan qiyosiy tahlil qilishdan iborat. Tadqiqot natijalari sud-genetik identifikatsiya va qarindoshlik ekspertizasida qo'llaniladigan milliy referens ma'lumotlar bazasini boyitishga, shuningdek Markaziy Osiyo populyatsiyalarining genetik xilma-xilligi va tuzilishi haqidagi ilmiy tasavvurlarni chuqurlashtirishga xizmat qiladi.

Mavzuga oid adabiyotlar tahlili. D2S441 - bu odam genomida joylashgan autosomal qisqa tandem takrorlanuvchi (Short Tandem Repeats, STR) lokuslardan biri bo'lib, sud-biologik va populyatsion genetik tadqiqotlarida keng qo'llaniladi. Mazkur lokus 2-xromosomaning kalta yelkasida (2q14.3 hududida) joylashgan bo'lib (68.239 Mb), TCTA/TCAA takrorlanuvchi tetranukleotid ketma-ketliklardan tashkil topgan. D2S441 lokusi yuqori darajadagi polimorfizm bilan tavsiflanadi, ya'ni populyatsiya doirasida ko'plab allellar uchraydi. Ushbu xususiyat uni shaxsni identifikatsiya qilish, qarindoshlikni aniqlash (ota-

onalik, aka-uka, opa-singil munosabatlari) hamda sud ekspertizasi amaliyotida ishonchli genetik marker sifatida qo'llash imkonini beradi. D2S441 lokusi AQSh Federal qidiruv byurosi tomonidan ishlab chiqilgan CODIS (Combined DNA Index System) standart STR tizimiga kiritilgan bo'lib, sud-genetik identifikatsiya va populyatsion tahlillarda qo'llaniladigan asosiy genetik markerlardan biri hisoblanadi. U diskriminatsiya qobiliyati (Power of Discrimination, PD), tasodifiy mos kelish ehtimoli (Random Match Probability, RMP) va polimorfizm axborot indeksi (Polymorphism Information Content, PIC) kabi sud-statistik ko'rsatkichlar bo'yicha yuqori samaradorlik ko'rsatadi. Shu sababli, u xalqaro standartlarga mos keluvchi STR panellarining ajralmas qismi bo'lib hisoblanadi. Populyatsion genetik nuqtayi nazaridan, D2S441 lokusi allel chastotalarini aniqlash va turli etnik yoki geografik populyatsiyalar o'rtasida genetik xilma-xillikni taqqoslash uchun muhim ahamiyatga ega. Ushbu lokus bo'yicha Hardy-Weinberg muvozanati tahlili ko'pincha populyatsiya barqarorligini baholashda qo'llaniladi.

Tadqiqot metodologiyasi. Tadqiqot obyektlari. Tadqiqot ob'ektlari sifatida ayol va erkak genetik jinsiga mansub bo'lgan 1 538 nafar shaxsdan steril doka tamponlariga olingan, quritilgan so'lak (tupuk) namunalari xizmat qildi. Namunalar O'zbekistonning 12 ta geografik hududidan o'zaro qarindosh bo'lmagan shaxslardan ($n = 1438$), Qoraqalpog'iston Respublikasining Nukus hududidan ($n = 100$) olingan genotiplardan to'plandi.

Odam tadqiqotlari etikasi va tadqiqotda ishtirok etishga rozilik. Tadqiqot inson ishtirokida o'tkaziladigan ilmiy ishlar uchun xalqaro miqyosda qabul qilingan etik me'yorlar va talablarga muvofiq ravishda amalga oshirildi. Barcha ishtirokchilar o'z biologik namunalari va genetik ma'lumotlaridan ilmiy tadqiqot maqsadlarida foydalanishga yozma ravishda ongli rozilik bergan. Tahlil boshlanishidan oldin shaxsni aniqlash imkonini beruvchi barcha ma'lumotlar olib tashlandi, genetik ma'lumotlar esa to'liq anonim tarzda qayta ishlanib, tahlil qilindi.

DNKni ajratib olish. Quritilgan so'lak namunalardan DNK molekulari Swab Solution™ Kit (Promega) kimyoviy reagenti yordamida ajratib olindi [2].

DNK miqdorini aniqlash. Ajratib olingandan so'ng, har bir namunaning genomik DNK miqdori va sifat ko'rsatkichlari Quantifiler™ Trio DNA Quantification Kit (Applied Biosystems, AQSh) kimyoviy to'plam yordamida miqdoriy real-vaqt Polimeraza Zanjir Reaksiyasi (PZR) orqali aniqlandi [3]. Ushbu to'plam DNK ekstraktlarida PZR ingibitorlarining mavjudligini tekshirish uchun ichki musbat nazoratni o'z ichiga oladi. Miqdoriy real-vaqt PZR 7500 Real-Time PCR System (Applied Biosystems, AQSh) qurilmasida bajarildi.

PZR amplifikatsiyasi va genotiplash. Autosom DNK 27 ta STR lokusining amplifikatsiyasi Versa Plex™ 27 PY System Kit (Applied Biosystems, AQSh) kimyoviy to'plam yordamida ishlab chiqaruvchi tavsilyalariga muvofiq ravishda ProFlex 3x32 well PCR System va ProFlex 96 well PCR System (Thermo Fisher Scientific, Singapur) qurilmalarida amalga oshirildi [4]. Amplifikatsiya qilingan PZR mahsulotlarining kapillyar elektroforetik ajratilishi ABI 3500xl Genetic Analyzer (Applied Biosystems, AQSh) qurilmasida bajarildi [5]. Ma'lumotlarni tahlil qilish va allellarni identifikatsiya qilish GeneMapper ID-X (Applied Biosystems, AQSh) tahlil dasturi (1.6-versiya, Life Technologies) yordamida amalga oshirildi [6].

Statistik tahlil. D2S441 mikrosatellit lokusining diskriminatsion qobiliyati populyatsion genetikada qabul qilingan standart statistik parametrlar yordamida baholandi. Jumladan, mos kelish ehtimoli (matching probability, MP), diskriminatsiya kuchi (power of discrimination, PD), polimorfizm informatsion tarkibi (polymorphism information content, PIC), istisno qilish kuchi (power of exclusion, PE), otalik indeksi (paternity index, PI), kuzatilgan geterozigotlik (Hobs), kutilgan geterozigotlik (Hexp) hamda Xardi-Vaynberg muvozanatidan og'ish ehtimoli (p-qiymat) hisoblandi [7, 8]. Mos kelish ehtimoli, ajratish kuchi, polimorfizm informatsion mazmuni, istisno qilish kuchi va tipik otalik indeksi PowerStat Algorithms dasturi (1.2-versiya, Promega Corporation) yordamida hisoblandi [9]. Allel chastotalari, Xardi-Vaynberg muvozanati, kutilayotgan va kuzatilgan geterozigotlik ko'rsatkichlari hamda populyatsiyalararo farqlanish testlari GenePop dasturi (4.7.5-versiya) [10] hamda DNA Allele Frequency UZ dasturiy ta'minoti [11] yordamida amalga oshirildi. STR lokusi bo'yicha aniqlangan allel chastotalari turli populyatsiya ma'lumotlari bilan solishtirildi [12].

Sifat nazorati. Tadqiqot davomida to'plam bilan birga taqdim etilgan musbat nazorat DNK namunasi hamda manfiy nazoratlar qo'llanildi. Tadqiqot ishlari ISO/IEC 17025 standart talabiga muvofiq xalqaro akkreditatsiyadan o'tgan laboratoriyada (№ O'ZAK.SL.0272, 03.02.2023) amalga oshirildi.

Tahlil va natijalar. Utkazilgan tadqiqotlar natijasida O'zbekiston populyatsiyasida D2S441 autosomal STR lokusining sud-genetik samaradorligi va genetik xilma-xilligini tavsiflovchi quyidagi statistik ko'rsatkichlar va ularning qiymatlari aniqlandi: Mos kelish ehtimoli (matching probability) – $MP=0.067$; Diskriminatsiya kuchi (power of discrimination) – $PD=0.932$; Polimorfizm informatsion tarkibi (polymorphism information content) - $PIC=0.703$; Istisno qilish kuchi (power of exclusion) - $PE=0.565$; Standart otalik indeksi (typical paternity index) – $TPI=3.84$; Kuzatilgan geterozigotlik (Heterozygote observed) - $H(obs)=0.723$; Kutilgan geterozigotlik (Heterozygote expected) - $H(exp)=0.7395$; Xardi-Vaynberg muvozanatidan og'ish ehtimoli - $HWE (P-value)=0.1105$.

Tahlil qilingan D2S441 lokusi yuqori diskriminatsion salohiyatga ega ekanligini ko'rsatdi, bu diskriminatsiya kuchi (PD) ko'rsatkichining yuqori qiymati 0,932 bilan tasdiqlandi. Shunga mos ravishda, Matching Probability (MP) qiymati past 0,067 bo'lib, o'zaro qarindosh bo'lmagan shaxslar o'rtasida genotiplarning tasodifiy mos kelish ehtimoli past ekanligini ko'rsatadi. Polymorphism Information Content (PIC) qiymati ushbu lokus uchun 0,70 dan yuqori bo'lib, uning yuqori darajadagi polimorfizmini ko'rsatadi [13]. Kuzatilgan heterozigotlik ($H_{obs} = 0,723$) kutilgan heterozigotlik ($H_{exp} = 0,7395$) qiymati bilan mos kelib, populyatsiyada genetik muvozanat mavjudligini ko'rsatdi (o'rtasidagi kichik farqlar minimal bo'lib, tizimli xarakterga ega emas). D2S441 lokusining 11 ta alleli kombinatsiyalanib, jami 66 ta genotip hosil qilishi mumkin. Biroq, tadqiqot natijasida 66 ta mumkin bo'lgan genotipdan faqat 48 tasi kuzatildi, kutilgan gomozigotalar umumiy soni-400.1649, kuzatilgan gomozigotalar soni-425, kutilgan geterozigotalar soni-1137.8351, kuzatilgan geterozigotalar soni-1113 tani tashkil etdi (1-jadval).

1-jadval. D2S441 lokusida kuzatilgan va kutilgan genotiplar chastotasi

Genotiplar	Kuzatilgan (Obs.)	Kutilgan (Exp.)	Genotiplar	Kuzatilgan (Obs.)	Kutilgan (Exp.)	Genotiplar	Kuzatilgan (Obs.)	Kutilgan (Exp.)
9/9	0	0.0049	10/15	16	17.7307	9.1/9.1	0	0.0390

9/10	1	1.3639	11/15	33	31.8088	9/11.3	0	0.2556
10/10	82	79.3337	12/15	4	6.0624	10/11.3	29	29.7785
9/11	2	2.4468	13/15	1	1.8263	11/11.3	57	53.4224
10/11	288	285.0556	14/15	14	14.2810	11.3/12	6	10.1818
11/11	261	255.4898	15/15	2	0.9766	11.3/13	1	3.0673
9/12	1	0.4663	9/16	0	0.0176	11.3/14	21	23.9847
10/12	59	54.3288	10/16	2	2.0459	11.3/15	4	3.3229
11/12	88	97.4654	11/16	3	3.6702	11.3/16	2	0.3834
12/12	13	9.2491	12/16	1	0.6995	9.1/11.3	1	0.6816
9/13	2	0.1405	13/16	0	0.2107	11.3/11.3	4	2.7691
10/13	19	16.3668	14/16	1	1.6478	9/12.3	0	0.0176
11/13	27	29.3620	15/16	0	0.2283	10/12.3	1	2.0459
12/13	7	5.5961	16/16	0	0.0117	11/12.3	2	3.6702
13/13	0	0.8312	9/9.1	0	0.0312	12/12.3	3	0.6995
9/14	0	1.0985	9.1/10	2	3.6371	12.3/13	0	0.2107
10/14	118	127.9795	9.1/11	7	6.5249	12.3/14	1	1.6478
11/14	225	229.5941	9.1/12	2	1.2436	12.3/15	0	0.2283
12/14	42	43.7584	9.1/13	1	0.3746	12.3/16	0	0.0263
13/14	14	13.1824	9.1/14	1	2.9294	9.1/12.3	0	0.0468
14/14	63	51.4481	9.1/15	2	0.4059	11.3/12.3	2	0.3834
9/15	0	0.1522	9.1/16	0	0.0468	12.3/12.3	0	0.0117

D2S441 lokusi uchun aniqlangan 11 ta allel nazariy jihatdan 66 ta genotip hosil qilishi mumkin, biroq tadqiqot natijasida ulardan 48 tasi kuzatildi (1-jadval). Hardy–Weinberg muvozanati p-value mezoni asosida tekshirilganda ($P = 0,1105$), kuzatilgan genotip chastotalari nazariy kutilgan qiymatlar bilan mos kelishi aniqlandi. Kuzatilgan kichik tafavutlar tasodifiy omillar, jumladan subpopulyatsiyalar mavjudligi yoki genotiplash jarayonidagi texnik omillar bilan izohlanishi mumkin. Power of Exclusion (PE) qiymati 0,565 bo'lib, lokusning otaliki aniqlashdagi o'rtacha-yuqori samaradorligini ko'rsatadi. Standart otalik indeksi (TPI) ham ushbu natijani tasdiqladi [14]. D2S441 lokusi uchun hisoblangan umumlashtirilgan mos kelish ehtimoli (RMP) $\approx 0,067$ ni tashkil etdi, natijada diskriminatsiya kuchi (CPD) $\approx 0,932$ ga teng bo'ldi. Bu esa ushbu STR marker yordamida qarindosh bo'lmagan ikki shaxsni farqlash ehtimoli 93,2% dan yuqori ekanligini ko'rsatadi. Hardy–Weinberg muvozanati Guo va Thompson (1992) tomonidan taklif etilgan Markov zanjiri Monte-Karlo algoritmi asoslangan aniq testlar yordamida (100 paket, har birida 5000 iteratsiya) baholandi [15]. Natijalar HWE dan statistik jihatdan ahamiyatli og'ishlar yo'qligini ko'rsatdi [16,17]. Bu esa tahlil qilingan STR markerining populyatsion muvozanatga mosligini va olingan ma'lumotlarning populyatsion-genetik hamda sud-genetik tadqiqotlar uchun yaroqli ekanligini tasdiqlaydi (1-jadval).

2-jadvalda tadqiqotda o'rganilgan populyatsion tanlanma bo'yicha D2S441 lokusining allel uchrash chastotalari keltirilgan [18]. Taqqoslash maqsadida Afrika, Amerika, Osiyo va Yevropa populyatsiyalari uchun allel chastotalari ham ko'rsatilgan [12]. Populyatsiyalarda qo'llanilgan allel nomenklaturasi sud-genetik fanlar bo'yicha Xalqaro jamiyatning DNK bo'yicha komissiyasi tomonidan e'lon qilingan tavsiyalarga muvofiq keladi [19].

2-jadval. D2S441 lokus allellari va chastotalarining O'zbekiston va boshqa populyatsiyalarda uchrashini solishtirish [12, 18].

Allel	Afrika (n=1243)	Amerika (n=1000)	Osiyo (n=4523)	Yevro'pa (n=10713)	O'zbekiston (n=1538)
D2S441					
8	-	-	0,0002	0,0008	-
8.1	-	-	0,0001	-	-
9	0,0008	0,0020	0,0025	0,0014	0,002
9.1	0,0008	0,0005	0,0091	-	0,0052
10	0,1049	0,1490	0,2079	0,1863	0,2272
10.1	-	-	0,0008	-	-
10.3	0,0004	-	-	0,00009	-
11	0,3342	0,3575	0,3027	0,3368	0,4077
11.1	0,0008	-	0,0001	-	-
11.3	0,0450	0,0475	0,1415	0,0594	0,0426
12	0,1259	0,1090	0,1352	0,0409	0,0777
12.3	0,01005	0,0040	0,0026	0,0015	0,0029
13	0,0374	0,0355	0,0151	0,0289	0,0234
13.3	0,0028	0,0025	0,0003	0,0003	-
14	0,2791	0,2555	0,1636	0,2943	0,183
14.1	-	-	0,0001	0,00004	-
14.3	0,0016	-	-	0,00004	-
15	0,0514	0,0330	0,0160	0,0445	0,0254
15.3	-	-	-	0,00004	-
16	0,0044	0,004	0,0016	0,004	0,0029
17	-	-	-	0,000004	-

Xulosa va takliflar. Ushbu tadqiqot natijalari O'zbekiston populyatsiyasida D2S441 STR lokusining yuqori polimorfizm darajasi va yuqori sud-genetik informativlikka ega ekanligini ko'rsatdi. Hisoblangan asosiy statistik ko'rsatkichlarning (PD, PIC, PE va TPI) yuqori qiymatlari mazkur lokusning shaxsni individual identifikatsiyalash hamda qarindoshlik tahlilida ishonchli marker ekanligini tasdiqlaydi. Tasodifiy mos kelish ehtimolining pastligi (RMP) va diskriminatsion qobiliyatning deyarli maksimal darajada bo'lishi D2S441 lokusining sud-genetik amaliyot va xalqaro tavsiyalarga mos kelishini ko'rsatadi hamda uni milliy referens allel chastotalari bazasiga kiritish zarurligini asoslaydi. Populyatsiyalararo qiyosiy tahlil O'zbekiston populyatsiyasida D2S441 bo'yicha allel taqsimoti Yevropa va Osiyo populyatsiyalari o'rtasida oraliq genetik o'rinni egallashini, shu bilan birga populyatsiyaga xos allelik xususiyatlar saqlanib qolganligini ko'rsatdi. Olingan natijalar sud-genetik identifikatsiya aniqligini oshirish va statistik hisob-kitoblarning ishonchligini ta'minlash maqsadida autosomal STR markerlar

panelini kengaytirish, shuningdek Markaziy Osiyo populyatsiyalari bilan qo'shma populyatsion-genetik tadqiqotlarni davom ettirish zarurligini ko'rsatadi.

ADABIYOTLAR

1. <https://strbase.nist.gov/>.
2. SwabSolution™ Kit, Technical Manual, Instructions for Use of Product DC8271, Revised 9/16, TMD037.
3. Quantifiler® Trio Quantification Kit User Guide, Applied Biosystems, Cat. № 4482910.
4. VersaPlex™ 27PY System for Use on the Applied Biosystems® Genetic Analyzers, Technical Manual, Instructions for Use of Product DC7020.
5. Applied Biosystems 3500/3500xl Genetic Analyzers User Guide (PN 4401689).
6. GeneMapper® ID-X Software Version 1.6 New Features and Software Verification (PN 100073905).
7. Butler, J.M. (2005) Forensic DNA Typing: Biology, Technology, and Genetics of STR Markers. 2nd edn., London: Academic Press.
8. David, W. Gjerferson and et al. (2007) ISFG: Recommendations on biostatistics in paternity testing, Forensic Science International: Genetics, 1(3–4), pp. 223–231, doi:10.1016/j.fsigen.2007.06.006.
9. ISFG - Materials 24th World Congress 2011, "Allele frequencies and forensic parameters were calculated with the Powerstats Version 1.2 (Promega Corp.).
10. Rousset, François 2008, *GENEPOP'007*: a complete re-implementation of the GENEPOP software for Windows and Linux, Molecular Ecology Resources, 8(1), pp. 103–106, <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2007.01931.x>
11. Tosheva, D.M., Yoqubov, M.G. (2024) DNA Allele Frequency UZ Software, Patent No. DGU 36597, 12 April.
12. STRs for identity ENFSI Reference database, v3/R4, <https://strider.online/frequencies>
13. Botstein D., White R.L., Skolnick M., Davis R.W., 1980, Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphism. Am. J. Hum. Genetics. V. 32. P. 314–331.
14. Gao, H., Li, C., Wang, X., Sun, H., Li, L. and Zhao, Y. (2019) Application of CPI cut-off value based on parentage testing of duos and trios typed by four autosomal kits, *PLoS ONE*, 14(11), e0225174, doi:10.1371/journal.pone.0225174.
15. Guo, S., Thompson, E., (1992), Biometrics, V. 48. P. 361–372
16. B.S., Weir, 1996, Multiple tests, in: Genetic Data Analysis II, Sinauer Associates, USA, p.134.
17. D.E., Reich, M. Cargill et al. (2001), Linkage disequilibrium in the human genome, Nature, May 10;411 (6834):199-204, doi: 10.1038/35075590.
18. Д.М. Тошева, А.Э.Норматов, И.Г.Амантурдиев, М.Г. Якубов, Формирование референтной базы частот аллелей STR-локусов для Судебно-генетической идентификации в Республике Узбекистан, *Узбекистон Биология журналы*, 6-2025 йил, ISSN 0042-1685, 54-63 бетлар.
19. Bär, W., Brinkmann, B., Budowle, B., Carracedo A, Gill P, Lincoln P, Mayr W, Olaisen B 1997, Recommendations on DNA. Supplementary report of the International Society for Forensic Genetics DNA Commission regarding the use of short tandem repeat (STR) systems; Forensic Sci Int 87(3):179–184.