

---

ФЕДЕРАЛЬНОЕ АГЕНТСТВО  
ПО ТЕХНИЧЕСКОМУ РЕГУЛИРОВАНИЮ И МЕТРОЛОГИИ

---



НАЦИОНАЛЬНЫЙ  
СТАНДАРТ  
РОССИЙСКОЙ  
ФЕДЕРАЦИИ

ГОСТ Р ИСО/МЭК  
19794-14  
-20\_\_

---

**Информационные технологии**  
**БИОМЕТРИЯ**  
**Форматы обмена биометрическими данными**  
**Часть 14**  
**Данные ДНК**

**ISO/IEC 19794-14:2013**

**Information Technology – Biometric data interchange Formats –  
Part 14: DNA data**

**(IDT)**

Москва  
Стандартинформ  
201\_

## Предисловие

1 ПОДГОТОВЛЕН Научно-исследовательским и испытательным центром биометрической техники Московского государственного технического университета имени Н. Э. Баумана (НИИЦ БТ МГТУ им. Н. Э. Баумана) на основе собственного аутентичного перевода на русский язык стандарта, указанного в пункте 4

2 ВНЕСЕН Техническим комитетом по стандартизации ТК 098 «Биометрия и биомониторинг»

3 УТВЕРЖДЕН И ВВЕДЕН В ДЕЙСТВИЕ Приказом Федерального агентства по техническому регулированию и метрологии от 20 г. №

4 Настоящий стандарт идентичен международному стандарту ИСО/МЭК 19794-14:2013 «Информационные технологии. Форматы обмена биометрическими данными. Часть 14: Данные ДНК» (ISO/IEC 19794-14:2013 «Information Technology – Biometric data interchange Formats – Part 14: DNA data»).

Наименование настоящего стандарта изменено относительно наименования указанного международного стандарта для приведения в соответствие с ГОСТ Р 1.5 – 2004 (3.5).

При применении настоящего стандарта рекомендуется использовать вместо ссылочных международных стандартов соответствующие им национальные стандарты, сведения о которых приведены в дополнительном приложении ДА

### 5 ВВЕДЕН ВПЕРВЫЕ

6 Следует обратить внимание на то, что некоторые элементы настоящего стандарта могут быть объектами патентных прав. Организации ИСО и МЭК не несут ответственности за установление подлинности каких-либо или всех таких патентных прав

*Правила применения настоящего стандарта установлены в ГОСТ Р 1.0–2012 (раздел 8). Информация об изменениях к настоящему стандарту публикуется в ежегодном (по состоянию на 1 января текущего года) информационном указателе «Национальные стандарты», а официальный текст изменений и поправок – в ежемесячном информационном указателе «Национальные стандарты». В случае пересмотра (замены) или отмены настоящего стандарта соответствующее уведомление будет опубликовано в ближайшем выпуске ежемесячного информационного указателя «Национальные стандарты». Соответствующая информация, уведомление и тексты размещаются также в информационной системе общего пользования – на официальном сайте Федерального агентства по техническому регулированию и метрологии в сети Интернет (gost.ru)*

© Стандартиформ, 20\_\_

Настоящий стандарт не может быть полностью или частично воспроизведен, тиражирован и распространен в качестве официального издания без разрешения Федерального агентства по техническому регулированию и метрологии

## Содержание

1	Область применения.....	
2	Соответствие.....	
3	Нормативные ссылки.....	
4	Термины и определения.....	
5	Сокращения.....	
6	Спецификация формата записи данных ДНК.....	
	6.1 Общие положения .....	
	6.2 Соглашения в отношении данных .....	
	6.3 Заголовок ЕСФОБД (SBEFF header).....	
	6.4 Содержание формата записи данных ДНК .....	
Приложение А	(обязательное) Методология испытаний на соответствие .....	
Приложение В	(обязательное) XML-схема данных ДНК .....	
Приложение С	(обязательное) Идентификаторы наборов реагентов .....	
Приложение D	(обязательное) Локусы ДНК .....	
Приложение ДА	(справочное) Сведения о соответствии ссылочных международных стандартов национальным стандартам Российской Федерации.....	

## Введение

В последние 20 лет судебная молекулярная генетика превратилась из быстро развивающейся области с меняющимися технологиями в ведущую и общепризнанную судебную науку.

Судебная генетика, использующая анализ дезоксирибонуклеиновой кислоты (ДНК), включает ряд важных областей применения. Примером является исследование биологических следов для получения доказательства присутствия предполагаемого преступника на месте совершения преступления путем сравнения генетических профилей образцов человеческого происхождения с места преступления с генетическими профилями баз данных ДНК правоохранительных органов. Областями применения также являются идентификация трупов неизвестных лиц в контексте как естественной, так и насильственной смерти, иммиграция, установление отцовства и идентификация жертв массовых бедствий.

Целью настоящего стандарта является определение стандарта для обмена идентификационными данными ДНК человека. Настоящий стандарт определяет атрибуты ДНК и формат записи данных для обмена данными ДНК. Настоящий стандарт включает образец записи и критерии соответствия.

Настоящий стандарт формата обмена данными основан на данных ДНК, получаемых теми методами судебно-медицинского ДНК-типирования, которые стандартизированы и используются наиболее часто. К таким методам относятся КТП<sup>1</sup>-анализ и другие методы ДНК-типирования, которые стандартизированы научными организациями с целью различения лиц.

Настоящий формат обмена данными предназначен для обмена данными ДНК в различных системах и не накладывает каких-либо ограничений на использование конкретных систем и методов ДНК-типирования.

Существующие форматы обмена данными ДНК, использованные при подготовке настоящего документа, перечислены в качестве ссылок.

---

<sup>1</sup> КТП – Короткий тандемный повтор (*Short tandem repeat (STR)*)

Типовые системы профилирования используют некодируемые участки ДНК, которые упоминаются как «мусорная ДНК». Кодированные регионы были целенаправленно исключены для обеспечения конфиденциальности и гражданских прав донора. Тем не менее, национальное законодательство в области защиты данных и конфиденциальности может обеспечивать особые гарантии безопасности, такие как шифрование передаваемых данных и / или хранимых данных и другие методы.

## НАЦИОНАЛЬНЫЙ СТАНДАРТ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ

---

**Информационные технологии**  
**БИОМЕТРИЯ**  
**Форматы обмена биометрическими данными**  
**Часть 14**  
**Данные ДНК**

Information technology. Biometrics.  
Biometric data interchange formats. Part 14  
DNA data

---

Дата введения – 20\_\_ – \_\_ – \_\_

## 1 Область применения

Настоящий стандарт устанавливает формат обмена данными ДНК для технологий идентификации или верификации личности, которые используют ДНК человека.

Настоящий стандарт обеспечивает возможность обмена и использования данных ДНК-профиля для сравнения (с учетом правил конфиденциальности) с данными ДНК-профиля, полученными любой другой системой с совместимыми методами ДНК-профилирования и форматом данных, соответствующем настоящему стандарту.

Настоящий стандарт распространяется на действующие в судебной медицине методы ДНК-профилирования или ДНК-типирования, основанные на коротких tandemных повторах (КТП), включая КТП на Y-хромосоме (Y-КТП) и на митохондриальной ДНК.

Настоящий формат данных подготовлен с учетом продолжающихся усилий по сокращению участия человека в анализе (регистрации и сравнения) ДНК. С учетом требований к формату данных для автоматизированных методов анализа ДНК, настоящий стандарт определяет формат как для обработанных, так и необработанных (электрофоретических) данных ДНК. Для определения обмена данными ДНК используется кодировка расширяемого

---

языка разметки (Extensible Mark-up Language, XML). Обязательная спецификация определения схемы XML (XML Schema Definition, XSD) представлена в приложении В.

Настоящий стандарт не предназначен для любых других целей кроме обмена данными ДНК для биометрической идентификации или верификации личности, в частности, не предназначен для обмена медицинской или другой информацией о здоровье человека.

## **2 Соответствие**

Приложения, заявленные как соответствующие настоящему стандарту, должны демонстрировать представление биометрических данных ДНК в соответствии с настоящим стандартом. Минимальные требования к соответствию стандарту включают способность передачи (обмена) и извлечения совместимой биометрической информации ДНК.

## **3 Нормативные ссылки**

В настоящем стандарте использованы нормативные ссылки на следующие стандарты, которые необходимо учитывать при использовании настоящего стандарта. В случае ссылок на документы, у которых указана дата утверждения, необходимо пользоваться только указанной редакцией. В случае, когда дата утверждения не приведена, следует пользоваться последней редакцией ссылочных документов, включая любые поправки и изменения к ним:

ИСО/МЭК 19794-1:2011 Информационные технологии. Форматы обмена биометрическими данными. Часть 1. Структура (ISO/IEC 19794-1:2011, Information technology – Biometric data interchange formats – Part 1: Framework)

ИСО/МЭК 19794-1:2011 (Изм.2) Информационные технологии. Форматы обмена биометрическими данными. Часть 1. Структура. Изменение 2. Структура XML кодирования (ISO/IEC 19794-1:2011/Amd.2, Information technology – Biometric data interchange formats – Part 1: Framework – Amendment 2: Framework for XML encoding)



## 4 Термины и определения

В настоящем стандарте применены термины и определения, установленные в ИСО/МЭК 19794-1:2011, а также следующие термины и определения:

4.1 **аллель (allele)**: Одна из возможных альтернативных форм последовательности ДНК, находящейся на местоположении определенного гена.

4.2 **хромосома (chromosome)**: Структура клетки, которая переносит генетический материал в виде линейной цепи ДНК.

Примечание – В человеческой клетке содержится 23 пары хромосом.

4.3 **дезоксирибонуклеиновая кислота, ДНК (deoxyribo nucleic acid, DNA)**: Сложная молекула, находящаяся практически в каждой клетке тела и несущая генетическую информацию от одного поколения к другому.

4.4 **ДНК-профилирование или ДНК-типирование (DNA profiling or typing)**: Метод, используемый учеными для различения лиц путем изучения отличий их ДНК.

4.5 **локус (locus)**: Уникальное физическое расположение на молекуле ДНК, во множественном числе – локусы.

4.6 **митохондриальная ДНК, мтДНК (mitochondrial DNA, mtDNA)**: Небольшие кольцевые молекулы ДНК, расположенные в структурах, используемых для получения энергии в клетке (митохондриях).

Примечание – Небольшой размер и большое количество делают их особенно эффективными при исследовании малого количества биологического материала или в случае его сильного повреждения. Митохондриальная ДНК может быть использована для отслеживания передачи материнской линии, поскольку наследование мтДНК происходит только по материнской линии.

4.7 **вероятность дискриминации неродственных индивидов (power of discrimination)**: Эффективность использования генетического маркера или набора маркеров для различения любых двух случайно выбранных людей.

4.8 **короткий тандемный повтор, КТП (short tandem repeat, STR)**: Короткие последовательности ДНК, которые многократно повторяются при прямом наследовании.

Примечание – Число коротких повторов может широко варьироваться у разных индивидов, высокий уровень изменчивости делает КТП особенно эффективным для различения людей.

**4.9 Y-хромосома (Y chromosome):** Организованная структура молекулы ДНК, содержащая специфичную только для мужчин ДНК.

**4.10 Y-КТП (Y-STR):** Участки КТП, находящиеся в специфичной только для мужчин ДНК хромосом Y.

Примечание – Y-КТП могут быть использованы для отслеживания передачи отцовской линии, поскольку они встречаются только у мужчин, и наследование происходит только по отцовской линии.

**4.11 электрофоретические данные (electrophoretic data):** Необработанные данные на выходе системы профилирования, которые используются для измерения числа повторов аллелей в определенных локусах.

**4.12 мобильный модуль обработки (mobile processing unit):** Полностью функциональная лаборатория ДНК, которая является мобильной.

**4.13 быстрый модуль ДНК (rapid DNA unit):** Автономное устройство, которое автоматизирует все процессы анализа ДНК и быстро производит ДНК-профиль (например, 1 час).

## **5 Сокращения**

В настоящем стандарте применены следующие сокращения:

ДНК – дезоксирибонуклеиновая кислота (deoxyribonucleic acid, DNA);

мтДНК – митохондриальная ДНК (Mitochondrial DNA, mtDNA);

КТП – короткий tandemный повтор (Short Tandem Repeat, STR);

Y-КТП – КТП Y-хромосомы (Y chromosome STR, Y-STR).

## **6 Спецификация формата записи данных ДНК**

### **6.1 Общие положения**

Формат записи данных ДНК, определенный в настоящем стандарте, является структурным определением для обмена данными ДНК. Формат данных должен содержать идентификационные данные ДНК. В соответствии с требованиями ИСО/МЭК 19794-1 запись данных ДНК должна быть опреде-

лена как ЗОБД<sup>1</sup> или включена в ББД<sup>2</sup> структуры, совместимой с ЕСФОБД (ЗБИ<sup>3</sup>).

Элементы записи сгруппированы по трем структурам данных (поля, блоки и запись). Элемент «поле» обозначает простую структуру для хранения данных. Поля могут быть двух типов: простое и составное. Простое поле содержит только один объект данных, составное поле содержит одно или более полей, которые, в свою очередь, могут быть простыми или составными. Одно или более полей могут быть сгруппированы в блок данных. Сегмент, состоящий из нескольких элементов с уникальными названиями (полей или блоков данных) формируют запись данных.

Структура ЗОБД записи данных ДНК представлена на рисунке 1.

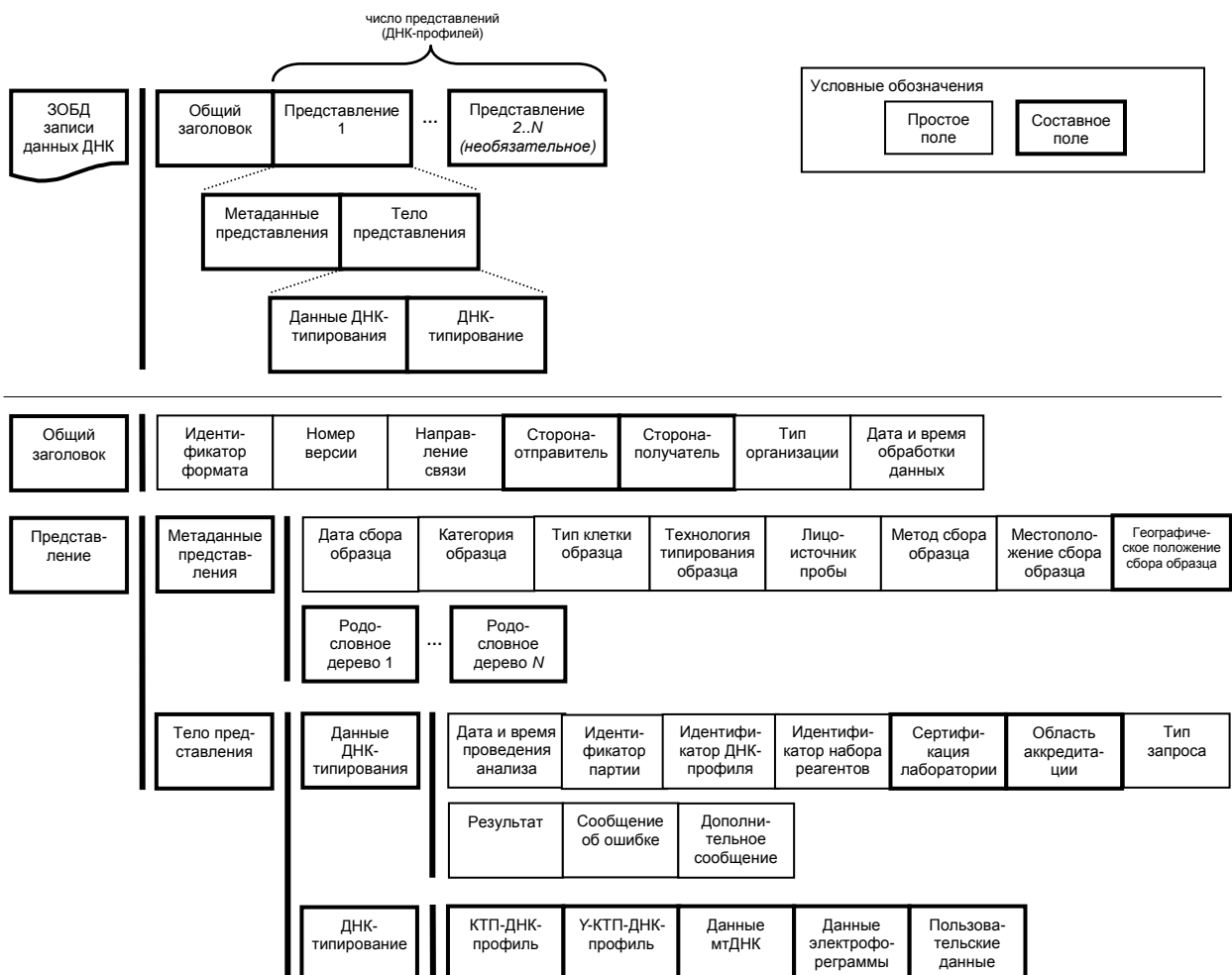


Рисунок 1 – Формат записи данных ДНК

<sup>1</sup> ЗОБД – Запись для обмена биометрическими данными (Biometric data interchange record (BDIR))

<sup>2</sup> ББД – Блок биометрических данных (Biometric data block (BDB))

<sup>3</sup> ЗБИ – Запись биометрической информации (Biometric information record (BIR))

## **6.2 Соглашения в отношении данных**

### **6.2.1 Значение поля «Неизвестно»**

Значение поля с идентификатором «Неизвестно» должно быть использовано для обозначения того, что информация для кодирования в данном поле еще не определена.

### **6.2.2 XML-кодирование**

Структура XML-кодирования рассматривается в ИСО/МЭК 19794-1:2011 (Изм.2). Схема XML-кодирования данных ДНК, представленная в приложении В настоящего стандарта, соответствует совместно применяемой спецификации для структуры XML (ИСО/МЭК 19794-1:2011 (Изм.2)).

### **6.2.3 Заголовок ЕСФОБД (СВЕFF header)**

Для записи данных ДНК должна быть использована структура ЗОБД из одного обязательного поля «Общий заголовок» (General header) и одного или более поля «Представление» (Representation).

Запись биометрических данных, соответствующая формату записи данных ДНК, может быть включена в ББД (BDB) формата ведущей организации ЕСФОБД (СВЕFF patron format) в соответствии с ИСО/МЭК 19785-1:2004. При использовании заголовка ЕСФОБД (СВЕFF header) должны быть удовлетворены следующие требования:

- в формате ведущей организации ЕСФОБД (СВЕFF patron format) должны быть определены элементы «СВЕFF\_BDB\_format\_owner» (владелец формата ББД ЕСФОБД) и «СВЕFF\_BDB\_format\_type» (тип формата ББД ЕСФОБД) как обязательные элементы заголовка ЕСФОБД (СВЕFF header);

- значение элемента «СВЕFF\_BDB\_format\_owner» (владелец формата ББД ЕСФОБД) должно определять идентификатор организации-участника ЕСФОБД (СВЕFF biometric organization identifier), присвоенный регистрационным органом ЕСФОБД для ИСО/МЭК СТК 1/ПК 37. Значение элемента должно быть 0x0101 (16 бит);

- значение элемента «СВЕFF\_BDB\_format\_type» (тип формата ББД ЕСФОБД) должно определять идентификатор типа формата ББД ЕСФОБД,

присвоенный ИСО/МЭК СТК 1/ПК 37 для формата данных ДНК. Значение элемента должно быть должно быть 0x0008 (16 бит);

- полная информация, необходимая для кодирования заголовка ЕСФОБД (SVEFF header), приведена в ИСОМЭК 19794-1.

### 6.3 Содержание формата записи данных ДНК

#### 6.3.1 Структура поля «Общий заголовок» (General header)

Поле «Общий заголовок» записи данных ДНК включает 7 полей (таблица 1). Поля, перечисленные в первом столбце таблицы 1, рассмотрены более подробно в 6.4.1.1–6.4.1.7.

Таблица 1 – Поле «Общий заголовок» (General header) записи данных ДНК

Поле	Тип данных	Допустимые значения	Обязательное / необязательное
Идентификатор формата (Format identifier)	string <sup>1</sup>	«DNA»	Обязательное
Номер версии (Version number)	VersionType	Номер версии = 3, номер поправки = 0	Обязательное
Направление связи (Communication direction)	string	«Request», «Answer»	Обязательное
Сторона-отправитель (Sending party)	PartyType	–	Обязательное
Сторона-получатель (Receiving party)	PartyType	–	Обязательное
Тип организации (Entity type)	string	«G», «GM», «GR», «I», «IM», «IR», «O», «OM», «OR», «U», «UM», «UR»	Обязательное
Дата и время обработки данных (Date and time of data processing)	dateTime <sup>2</sup>	–	Обязательное

<sup>1</sup> string – строковый тип данных, значениями которого является произвольная последовательность (строка) символов алфавита

<sup>2</sup> dateTime – тип данных XML, значениями которого является время в виде календарной даты и времени

## 6.3.1.1 Поле «Идентификатор формата»

Поле «Идентификатор формата» для данных ДНК должно иметь значение «DNA» с типом данных string.

## 6.3.1.2 Поле «Номер версии»

Поле «Номер версии» должно включать номер версии стандарта и номер поправки или изменения редакции. Формат значения поля должен соответствовать ИСО/МЭК 19794-1:2011 (Изм.2). Номер версии настоящего стандарта должен иметь значение 3 для номера версии стандарта и значение 0 для номера поправки или изменения редакции.

## 6.3.1.3 Поле «Направление связи»

Поле «Направление связи» должно определять, является сообщение запросом или ответом на запрос (таблица 2). Тип данных поля должен быть string.

Таблица 2 – Поле «Направление связи»

Описание	Значение
Запрос	«Request»
Ответ	«Answer»

## 6.3.1.4 Поле «Сторона-отправитель»

Поле «Сторона-отправитель» должно иметь тип данных PartyType и должно состоять из полей «Код государства» (Nationality code), «Наименование организации» (Name of the entity) и «ФИО должностного лица» (Name of the person) (в качестве должностного лица указывается отправитель) (таблица 3).

Таблица 3 – Тип данных PartyType

Поле	Тип данных	Описание
Код государства	string	Код в соответствии с ИСО/МЭК 3166-2
Наименование организации	string	Наименование организации
ФИО должностного лица	string	ФИО отправителя / получателя

#### 6.3.1.5 Поле «Сторона-получатель»

Поле «Сторона-получатель» должно иметь тип данных PartyType и должно состоять из полей «Код государства», «Наименование организации» и «ФИО должностного лица» (в качестве должностного лица указывается получатель) (таблица 3).

#### 6.3.1.6 Поле «Тип организации»

В качестве типа организации могут указываться «Государственная лаборатория» (G) (Government lab), «Коммерческая лаборатория» (I) (Industry lab), «Другая лаборатория» (O) (Other lab) или «Неизвестная лаборатория» (U) (Unknown lab). К типу организации может добавляться описание «Быстрый модуль ДНК» (R) (Rapid DNA unit) или «Мобильный модуль обработки» (M) (Mobile processing unit). Таким образом, поле «Тип организации» должно иметь тип данных string и значение из допустимых: «G», «GM», «GR», «I», «IM», «IR», «O», «OM», «OR», «U», «UM», «UR».

#### 6.3.1.7 Поле «Дата и время обработки данных»

В данном поле должны быть представлены дата и время обмена данными по Гринвичу (универсальное глобальное время). Для любых абсолютных значений времени должен быть использован формат в соответствии с ИСО/МЭК 19794-1:2011 (Изм.2). Данное поле определяет дату и время обработки данных, а не регистрации данных. Поле должно иметь встроенный в XML тип данных dateTime.

#### **6.3.2 Поле «Метаданные представления» (Representation metadata)**

Для каждого профиля должно быть поле «Представление» (Representation), который состоит из поля «Метаданные представления» и поля «Тело представления» (Representation body). В поле «Метаданные представления» представлены метаданные о данных обмена (таблица 4).

Таблица 4 – Поле «Метаданные представления»

Поле	Тип данных	Допустимые значения	Обязательное / необязательное
Дата сбора образца (Sample collection date)	dateTime	–	Необязательное
Категория образца (Sample category)	string	См. таблицу 5	Обязательное
Тип клетки образца (Sample cellular type)	string	См. таблицу 6	Обязательное
Технология типирования образца (Sample typing technology)	string	См. таблицу 7	Обязательное
Лицо-источник пробы (Specimen contributor)	string	«Known» или «Unknown»	Обязательное
Метод сбора образца (Sample collection method)	string	–	Необязательное
Местоположение сбора образца (Sample collection location)	string	–	Необязательное
Географическое положение сбора образца (Sample collection geo-location)	GeoLocationType	–	Необязательное
Родословное дерево (Pedigree tree)	PedigreeTreeType	–	Необязательное

#### 6.3.2.1 Поле «Дата сбора образца»

В поле «Дата сбора образца» должна быть указана дата, когда был собран образец, по Гринвичу (универсальное глобальное время). Для любых абсолютных значений времени должен быть использован формат в соответствии с ИСО/МЭК 19794-1:2011 (Изм.2). Поле должно иметь встроенный в XML тип данных «dateTime».

#### 6.3.2.2 Поле «Категория образца»

Значение поля «Категория образца» должно определять категорию, к которой принадлежит образец ДНК (таблица 5). Тип данных поля должен быть string.



Таблица 5 – Поле «Категория образца»

Значение
«Arrestee» (Арестованное лицо)
«Claimed Biological Child» (Заявленный биологический ребенок)
«Claimed Biological Father» (Заявленный биологический отец)
«Claimed Biological Mother» (Заявленная биологическая мать)
«Claimed Biological Sibling» (Заявленный/ая биологический/ая родной/ая брат/сестра)
«Claimed Biological Spouse» (Заявленный биологический супруг)
«Actual Biological Child» (Действительный биологический ребенок)
«Actual Biological Father» (Действительный биологический отец)
«Actual Biological Mother» (Действительная биологическая мать)
«Actual Biological Sibling» (Действительный/ая биологический/ая родной/ая брат/сестра)
«Actual Biological Spouse» (Действительный биологический супруг)
«Adoptive Biological Child» (Приемный биологический ребенок)
«Adoptive Biological Father» (Приемный биологический отец)
«Adoptive Biological Mother» (Приемная биологическая мать)
«Adoptive Biological Sibling» (Приемная биологический/ая родной/ая брат/сестра)
«Adoptive Biological Spouse» (Приемный биологический супруг)
«Convicted Offender» (Осужденное лицо)
«Forensic, Unknown» (Криминалистика, неизвестное лицо)
«Insurgent» (Боевик)
«Known Suspected Terrorist» (Известное лицо, подозреваемое в терроризме)
«Maternal relative» (Родственник по материнской линии)
«Missing person» (Лицо, пропавшее без вести)
«Paternal Relative» (Родственник по отцовской линии)
«Suspect, Known» (Известное подозреваемое лицо)
«Unidentified Living» (Неопознанный живой человек)
«Unidentified Dead» (Труп неопознанного человека)
«Victim, Known» (Жертва, известное лицо)
«Detainee» (Задержанное лицо)
«Other» (Другое)
«Unspecified» (Не определено)

Примечание – Некоторые термины, перечисленные в данной таблице, могут иметь разный смысл на различных юрисдикционных территориях (например, detainee (задержанное лицо), arrestee (арестованное лицо), convicted offender (осужденное лицо)).

#### 6.3.2.3 Поле «Тип клетки образца»

Значение поля «Тип клетки образца» должно определять источник типа клетки, из которого получен образец (таблица 6). Тип данных поля должен быть string.

Таблица 6 – Поле «Тип клетки образца»

Значение
«Blood» (Кровь)
«Bone» (Кость)
«Buccal Cell» (Клетка буквального эпителия)
«Commingled Biological Material» (Смешанный биологический материал)
«Hair» (Волосы)
«Saliva» (Слюна)
«Semen» (Сперма)
«Skin» (Кожа)
«Sweat / Fingerprint» (Пот / отпечаток пальца)
«Tissue» (Носовой платок или салфетка)
«Tooth (including Pulp)» (Зуб (включая пульпу))
«Other» (Другое)
«Unknown» (Неизвестно)
«Unspecified» (Не определено)

#### 6.3.2.4 Поле «Технология типирования образца»

Значение поля «Технология типирования образца» должно определять технологию, используемую для ДНК-типирования (таблица 7). Тип данных поля должен быть string.

Таблица 7 – Поле «Технология типирования образца»

Значение
«STR» (КТП)
«Y-STR» (Y-КТП)
«mtDNA» (мтДНК)
«Electropherogram» (Электрофореграмма)
«User Defined Typing» (Типирование, определенное пользователем)

### 6.3.2.5 Поле «Лицо-источник пробы»

Значение поля «Лицо-источник пробы» определяет, известна ли личность источника пробы или нет (таблица 8). Значение поля должно иметь тип string.

Таблица 8 – Поле «Лицо-источник пробы»<sup>1</sup>

Описание	Значение
Лицо-источник пробы известно	«Known» (Известно)
Лицо-источник пробы неизвестно	«Unknown» (Неизвестно)

Примечание – Данное поле целесообразно использовать в случае неопознанного живого человека, когда сбор образца проводится непосредственно с человека. В случае лица, пропавшего без вести, образец может не принадлежать человеку, объявленному пропавшим.

### 6.3.2.6 Поле «Метод сбора образца»

Значение поля «Метод сбора образца» должно определять описание метода сбора образца. Значение поля должно иметь тип string.

Примечание – Например, образец «волосы» может быть получен непосредственно с человека или обнаружен на месте преступления.

### 6.3.2.7 Поле «Местоположение сбора образца»

Значение поля «Местоположение сбора образца» должно определять местоположение, где был собран образец. Это строковое описание, например, дома, здания и/или почтовые адреса и т.д.

<sup>1</sup> В оригинале ИСО/МЭК 19794-14:2013 допущена ошибка – вместо названия таблицы 8 «Specimen conductor» указано название «Sample source indicator»

## 6.3.2.8 Поле «Географическое положение сбора образца»

Значение поля «Географическое положение сбора образца» должно быть GPS-координатами места сбора образца (таблица 9). Такие данные позволяют обрабатывать данные массовых бедствий. Значение поля должно состоять из двух значений типа float. Первое значение – географическая широта, второе значение – географическая долгота в WGS-84 (Мировая геодезическая система, World Geodetic System).

Таблица 9 – Поле «Географическое положение сбора образца»

Поле	Тип данных	Примечание
Географическая широта (Latitude)	float	+ для северного полушария, – для южного полушария
Географическая долгота (Longitude)	float	+ для восточного полушария, – для западного полушария

## 6.3.2.9 Поле «Родословное дерево»

Поле «Родословное дерево» должно повторяться нужное число раз для построения полного дерева (таблицы 10 – 12). В родословном дереве должен быть указан минимум один член. Генетические данные должны соответствовать представленной информации. Родословные деревья в значительной степени способствуют идентификации лиц, пропавших без вести, или идентификации жертв массовых бедствий. Каждое родословное дерево может иметь одно или более неустановленных узлов, отображающих неизвестное лицо.

Таблица 10 – Поле «Родословное дерево»

Поле	Тип данных	Допустимые значения	Примечание
Родословное дерево 1 (Pedigree Tree 1)	PdgrTreeType	–	Повторяется число раз, равное числу родословных деревьев
... Родословное дерево <i>n</i> (Pedigree Tree <i>n</i> )			

Таблица 11 – Поле «Родословное дерево» (Pedigree) (PdgrTreeType)

Поле	Тип данных	Допустимые значения	Примечание
Идентификатор родословного дерева (Pedigree ID)	string	–	Уникальный идентификатор родословного дерева
Член родословного дерева 1 (Pedigree Member 1) ... Член родословного дерева N (Pedigree Member N)	PdgrMbr-Type	–	Повторяется число раз, равное числу членов родословного дерева

Таблица 12 – Поле «Член родословного дерева» (Pedigree member) (PdgrMbrType)

Поле	Тип данных	Допустимые значения	Примечание
Идентификатор члена родословного дерева (Pedigree member ID)	integer	–	Уникальный идентификатор родословного дерева в формате целого числа
Идентификатор образца (Specimen ID)	string	Длина $\leq 24$	Если образец связан с родословной узла, то идентификатор образца должен быть определен и включен в раздел образца файла импорта родословного дерева. Узлы родословного дерева, в которых имеются образцы, считаются «заполненными». Если для узла родословного дерева не указан ни один образец, узел считается «незаполненным»
Идентификатор матери (Mother ID)	integer	–	Если указан идентификатор матери, то должен быть указан

			идентификатор отца
--	--	--	--------------------

Окончание таблицы 12

Поле	Тип данных	Допустимые значения	Примечание
Идентификатор отца (Father ID)	integer	–	Если указан идентификатор отца, то должен быть указан идентификатор матери
Статус члена родословного дерева (Pedigree member status)	string	«Known» (Известен) или «Unknown» (Неизвестен)	Известен или неизвестен
Пол (Gender)	string	«Male» (Мужской) или «Female» (Женский)	Мужской или женский

### 6.3.3 Поле «Тело представления» (Representation body)

#### 6.3.3.1 Поле «Данные ДНК-типирования»

Структура поля «Данные ДНК-типирования» представлена в таблице 13.

Таблица 13 – Поле «Данные ДНК-типирования»

Поле	Тип данных	Допустимые значения	Обязательное / необязательное
Дата и время проведения анализа (Date and time of analysis)	dateTime	–	Необязательное
Идентификатор партии (Batch ID)	string	–	Обязательное
Идентификатор ДНК-профиля (DNA profile ID)	string	–	Обязательное
Идентификатор набора реагентов (Kit ID)	string	–	Обязательное
Сертификация лаборатории (Lab certification)	LabCertType	–	Обязательное

## Окончание таблицы 13

Поле	Тип данных	Допустимые значения	Обязательное / необязательное
Область аккредитации (Scope of accreditation)	SOAType	–	Обязательное
Тип запроса (Request type)	string	–	Обязательное, если значение в поле «Направление связи» (Communication direction) равно «R» (Request, запрос). Иначе – необязательное
Результат (Result)	string	–	Обязательное, если значение в поле «Направление связи» (Communication direction) равно «R» (Request, запрос). Иначе – необязательное
Сообщение об ошибке (Error message)	string	–	Необязательное
Дополнительное сообщение (Supplementary message)	string	–	Необязательное

## 6.3.3.1.1 Поле «Дата и время проведения анализа»

В данном поле должны быть представлены дата и время проведения анализа по Гринвичу (универсальное глобальное время). Для любых абсолютных значений времени должен быть использован формат в соответствии с ИСО/МЭК 19794-1:2011 (Изм.2). Поле должно иметь встроенный в XML тип данных dateTime (xs:dateTime).

## 6.3.3.1.2 Поле «Идентификатор партии»

В поле «Идентификатор партии» должен быть указан идентификатор партии, в которой проводится ДНК-типирование. Поле должно иметь тип данных string.

Примечание – Если идентификатор партии неизвестен, то значение поля должно быть «Unkown» (Неизвестно).

#### 6.3.3.1.3 Поле «Идентификатор ДНК-профиля»

В поле «Идентификатор ДНК-профиля» должен быть указан уникальный идентификатор ДНК-профиля, назначенный стороной-отправителем. Поле должно иметь тип данных string.

#### 6.3.3.1.4 Поле «Идентификатор набора реагентов»

В поле «Идентификатор набора реагентов» должен быть указан идентификатор используемого набора реагентов. Поле должно иметь тип данных string. Примеры наборов реагентов для ДНК-анализа приведены в приложении С.

Примечание – Если идентификатор набора реагентов неизвестен, значение поля должно быть равно «Unkown» (Неизвестно).

#### 6.3.3.1.5 Поле «Сертификация лаборатории»

Значение поля «Сертификация лаборатории» определяет статус качества лаборатории (таблицы 14–15). Лаборатория может иметь несколько валидаций (сертификаций)<sup>1</sup>.

Таблица 14 – Поле «Сертификация лаборатории» (LabCertType)

Поле	Тип данных	Допустимые значения	Примечание
Сертификация лаборатории	string	См. таблицу 15	Повторяется число раз, равное числу сертификаций

Таблица 15 – Допустимые значения поля «Сертификация лаборатории»

Значение
«No validation» (Валидации отсутствуют)
«ISO/IEC 17025 certification» (Сертификация по ИСО/МЭК 17025)
«GLP validation» (Валидация в рамках GLP <sup>2</sup> )
«AABB certification» (Сертификация AABB <sup>3</sup> )

<sup>1</sup> В оригинале ИСО/МЭК 19794-14:2013 допущена описка – предложения указанного абзаца продублированы

<sup>2</sup> GLP – Good Laboratory Practice (Надлежащая лабораторная практика)

<sup>3</sup> AABB – American Association of Blood Banks (Американская ассоциация банков крови)



## Окончание таблицы 15

Значение
«ISO/ILAC Guidance <sup>1</sup> 19 accreditation» (Аккредитация по ИСО/Руководству 19 ИЛАК <sup>2</sup> )
«Unkown» (Неизвестно)
«Unspecified» (Не определено)

## 6.3.3.1.6 Поле «Область аккредитации»

Значение в поле «Область аккредитации» определяет область сертификации лаборатории, которая обрабатывает ДНК (таблицы 16–17). Допускается указывать более одной области сертификации.

Таблица 16 – Поле «Область аккредитации» (SOAType)

Поле	Тип данных	Допустимые значения	Примечание
Область аккредитации	string	См. таблицу 17	Повторяется число раз, равное числу аккредитаций

Таблица 17 – Допустимые значения поля «Область аккредитации»

Значение
«Nuclear» (Ядерная ДНК)
«Mitochondrial» (Митохондриальная ДНК)
«Database» (Базы данных ДНК)
«Other» (Другое)
«Unspecified» (Не определено)

Допускается указывать в поле «Область аккредитации» (Scope of accreditation) более одного значения, чтобы представить полный сертификационный статус лаборатории.

<sup>1</sup> В оригинале ИСО/МЭК 19794-14 допущена опечатка – вместо «Guidance 19» или «G-19» указано «Guild 19»

<sup>2</sup> ИЛАК – Международное сотрудничество по аккредитации лабораторий (International Laboratory Accreditation Cooperation (ILAC))

6.3.3.1.7 Поле «Тип запроса» (Request type<sup>1</sup>)

Поле «Тип запроса» (Request type) предназначено для определения правовых ограничений и правил. Поле должно иметь тип данных string, допустимые значения представлены в таблицах 18–19.

Таблица 18 – Поле «Тип запроса» (Request type)

Поле	Тип данных	Допустимые значения	Примечание
Значение типа запроса (Request value)	RequestValue	–	См. таблицу 17
Пользовательские данные (User defined)	UserDefinedType	–	См. таблицу 44

Таблица 19 – Допустимые значения поля «Значение типа запроса»

Значение
«DataSubmission» (Предоставление данных)
«DataSubmissionAndSearch» (Предоставление и поиск данных)
«Search» (Поиск)
«UserDefined» (Пользовательские данные)

## 6.3.3.1.8 Поле «Результат» (Result)

Результат сравнения обозначает, что неидентифицированный или ссылочный тип ДНК передается в базы данных других сторон для поиска совпадений и/или сравнения. Если обнаружены совпадения данного неидентифицированного или ссылочного типа ДНК с соответствующими ссылочными или неидентифицированными типами ДНК в базах данных других сторон, то такие сравнения называются результатом поиска совпадений/сравнения. Результат может быть записан, только если в поле «Направление связи» (Communication direction) записано значение «А» (Answer, ответ). Поле «Результат» (Result) должно иметь тип данных string, допустимые значения представлены в таблицах 20–21.

<sup>1</sup> В оригинале ИСО/МЭК 19794-14 допущена ошибка – вместо названия поля «Request type» указано «Request»

Таблица 20 – Поле «Результат» (Result)

Поле	Тип данных	Допустимые значения	Примечание
Значение результата (Result value)	ResultValue	–	См. таблицу 21
Пользовательские данные ответа (Hit user defined)	UserDefinedType	–	См. таблицу 44
Пользовательские данные (User defined)	UserDefinedType	–	См. таблицу 44

Таблица 21 – Допустимые значения поля «Значение результата»

Значение
«UnableToProcess» (Обработка невозможна)
«NoHit» (Нет ответа)
«HitUserDefined» (Пользовательские данные ответа)
«UserDefined» (Пользовательские данные)

## 6.3.3.1.9 Поле «Сообщение об ошибке» (Error message)

В поле «Сообщение об ошибке» должно быть записано сообщение об ошибке, указывающей на несовместимый тип ДНК, ошибку поиска совпадений и/или связи. Поле должно иметь тип данных string.

## 6.3.3.1.10 Поле «Дополнительное сообщение» (Supplementary message)

Поле «Дополнительное сообщение» должно содержать строку с дополнительной информацией или комментариями с типом данных string.

## 6.3.3.2 Поле «ДНК-типирование» (DNA typing)

Структура поля «ДНК-типирование» представлена в таблице 22.

Таблица 22 – Поле «ДНК-типирование» (DNA typing)

Поле	Тип данных	Допустимые значения	Обязательное / необязательное
КТП-ДНК-профиль (STR DNA profile)	LocusType	–	Обязательное, если значение в поле «Технология типирования образца» (Sample typing technology) равно «STR» (КТП). Иначе – необязательное

## Окончание таблицы 22

Поле	Тип данных	Допустимые значения	Обязательное / необязательное
Y-КТП-ДНК-профиль (Y-STR DNA profile)	LocusType	–	Обязательное, если значение в поле «Технология типирования образца» (Sample typing technology) равно «Y-STR» (Y-КТП). Иначе – необязательное
Данные митохондриальной ДНК (Mitochondrial DNA data)	mtDNA-Type	–	Обязательное, если значение в поле «Технология типирования образца» (Sample typing technology) равно «mtDNA» (мтДНК). Иначе – необязательное
Данные электрофореграммы (Electropherogram data)	EPGType	–	Обязательное, если значение в поле «Технология типирования образца» (Sample typing technology) равно «Electropherogram» (электрофореграмма). Иначе – необязательное
Пользовательские данные (User defined)	VendorSpecificDataType	–	Необязательное

## 6.3.3.2.1 Поле «КТП-ДНК-профиль» (STR DNA profile)

Поле «КТП-ДНК-профиль» должны иметь тип данных LocusType. Тип данных LocusType включает поле «Информация о локусе» (таблица 23).

Таблица 23 – Тип данных LocusType

Поле	Тип данных	Допустимые значения	Примечание
Информация о локусе (Locus information)	LocusInfoType	–	Повторяется число раз, равное числу локусов. См. таблицу 24

Поле «Информация о локусе» должно иметь тип данных LocusInfoType и состоять из полей «Заголовок локуса» (Locus header) и «Идентификация аллелей» (Allele call) (таблица 24).

Таблица 24 – Поле «Информация о локусе» (LocusInfoType)

Поле	Тип данных	Допустимые значения	Примечание
Заголовок локуса (Locus header)	LocusHeaderType	–	См. таблицу 25
Идентификация аллелей (Allele call)	AlleleCallType	–	Повторяется число раз, равное числу идентификаций аллелей. См. таблицу 26

Поле «Заголовок локуса» должно иметь тип данных LocusHeaderType и состоять из полей «Название маркера локуса» (Name of locus marker), «Число идентификаций аллелей» (Number of allele call) и «Статус» (Status) (таблица 25).

Таблица 25 – Поле «Заголовок локуса» (LocusHeaderType)

Поле	Тип данных	Допустимые значения	Примечание
Название маркерного локуса	string	–	См. приложение D
Статус	string	«Normal» (Нормальный), «SilentAllele» (Пустая аллель), «NotDetermined» (Не определено), «NotAnalysed» (Не анализировано)	См. описание ниже

Статус «Normal» (Нормальный) обозначает, что какие-либо проблемы отсутствуют.

Статус «Silent allele» (Пустая аллель) обозначает, что аллель не обнаружена.

Статус «Not determined» (Не определено) обозначает, что не удалось точно определить идентификации аллели.

Статус «Not analysed» (Не анализировано) обозначает, что локус не был анализирован.

Поле «Идентификация аллелей» (Allele call<sup>1</sup>) должно иметь тип данных AlleleCallType и состоять из поля «Оператор» (Operator) и полей «Число идентификации аллели» (Allele call number) (таблица 26).

Таблица 26 – Поле «Идентификация аллелей» (AlleleCallType)

Поле	Тип данных	Допустимые значения	Примечание
Оператор	string	«Equal» (Равно), «LowerLimit» (Нижний предел), «UpperLimit» (Верхний предел), «Range» (Диапазон)	–
Число 1 идентификации аллели (Allele call number #1)	float	–	Присутствует всегда
Число 2 идентификации аллели (Allele call number #2)	float	–	Только если в поле «Оператор» указано значение «Range» (Диапазон)

Названия маркеров локусов приведены в приложении D.

#### 6.3.3.2.2 Поле «Y-КТП-ДНК-профиль» (Y-STR DNA profile)

Каждая идентификация локуса Y-КТП должна быть представлена типом LocusType. Названия маркеров локусов КТП приведены в приложении D.

<sup>1</sup> В оригинале ИСО/МЭК 19794-14 допущена ошибка – вместо названия поля «Allele call» указано название «Allele call header»

### 6.3.3.2.3 Поле «Данные митохондриальной ДНК» (Mitochondrial DNA data)

Несмотря на полностью завершённое секвенирование мтДНК в качестве инструмента анализа, существуют определенные различия в его интерпретации. Для устранения различий типирования мткДНК (различий от референсного образца), этап интерпретации исключается путем разделения контрольной области на 2 области (даже при наличии HV3), чтобы обеспечить включение любых вставок / делеций / C-участков. Это позволяет любому получателю использовать данные обычным для него способом (использование или интерпретация полной последовательности методом получателя). Итоговые данные будут полностью совместимы с базой данных получателя с возможностью их обработки.

- Контрольная область 1 мтДНК: включает HV1, начиная с 16024 и заканчивая 16569. Длина строки должна быть 546 символов.
- Контрольная область 2 мтДНК: включает HV2 и HV3, начиная с 1 и заканчивая 576. Длина строки должна быть 576 символов.

Таблица 27 – Данные митохондриальной ДНК (mtDNAType)

Поле	Тип данных	Примечание
Контрольная область 1 мтДНК (Mito control region 1)	string	См. таблицу 28
Контрольная область 2 мтДНК (Mito control region 2)	string	См. таблицу 28
Качество 1 мтДНК (Mito DNA Quality 1)	string	–
Качество 2 мтДНК (Mito DNA Quality 2)	string	–

В таблице 28 приведены значения символов, установленные ИЮПАК<sup>1</sup> для исследований типов нуклеотидов ДНК. Допустимый алфавит для последовательности включает символы «А», «Т», «С», «G» и многозначные коды ИЮПАК. Символ «U» не представлен в таблице 28, но часто используется для обозначения химического расщепления «С». Любой участок, который не имеет значения, должен быть установлен в нуль (0).

Таблица 28 – Значения символов, установленные ИЮПАК

Значение ИЮПАК	Определение
G	Гуанин (Guanine)
A	Аденин (Adenine)
T	Тимин (Thymine)
C	Цитозин (Cytosine)
R	G, A
Y	T, C
M	A, C
K	G, T
S	G, C
W	A, T
H	A, C, T
B	G, T, C
V	G, C, A
D	G, A, T
N	G, A, T, C
–	Делеция

#### 6.3.3.2.4 Поле «Данные электрофореграммы» (Electropherogram data)

Электрофореграмма является изображением результатов анализа, выполняемого при помощи электрофореза при автоматическом секвенировании. Электрофореграммы могут использоваться для получения результатов при генеалогическом ДНК-тестировании, установлении отцовства, секвенировании ДНК, генетической дактилоскопии.

<sup>1</sup> ИЮПАК – Международный союз теоретической и прикладной химии (IUPAC, International Union of Pure and Applied Chemistry)



Структура поля «Данные электрофореграммы» представлена в таблице 29.

Таблица 29 – Поле «Данные электрофореграммы» (ElectropherogramType)

Поле	Тип данных	Допустимые значения	Примечание
Данные электрофореграммы (Electropherogram data)	EPGType	–	См. таблицу 30
Данные референсной электрофореграммы (Reference electropherogram data)	EPGRefType	–	См. таблицу 41
Данные электрофореграммы митохондриальной последовательности (Electropherogram data for mitochondrial sequence)	EPGmitoType	–	См. таблицу 42

В поле «Данные электрофореграммы» должны быть включены следующие необработанные данные (таблица 30):

- данные времени и интенсивности флуоресценции,
- данные времени и соответствующих значений пар оснований,
- данные панели,
- бинарные данные.

Таблица 30 – Поле «Данные электрофореграммы» (EPGType)

Поле	Тип данных	Допустимые значения	Примечание
Данные времени и интенсивности флуоресценции (Time and fluorescence strength data)	TFSDType	–	См. таблицу 31
Данные времени и соответствующих значений пар оснований (Time and base pair correspondence data)	TBPCType	–	См. таблицу 34
Данные панели (Panel data)	PanelType	–	См. таблицу 36
Бинарные данные (Bin data)	BinType	–	См. таблицу 38

Информация о волне локуса включает данные полей «Данные времени и интенсивности флуоресценции» и «Данные времени и соответствующих значений пар оснований».

В поле «Данные времени и интенсивности флуоресценции» включаются соответствующие значения высоты пика детекции флуоресценции и времени (таблицы 31 – 33).

Таблица 31 – Поле «Данные времени и интенсивности флуоресценции» (TFSDType)

Поле	Тип данных	Допустимые значения	Примечание
Название дорожки (Run name)	string	–	–
Наименование файла образца (Sample file name)	string	–	–
Данные красителей электрофореграммы (Electropherogram dye data)	ElectropherogramDyeDataType	–	См. таблицу 32
Данные времени 1 электрофореграммы (Electropherogram time data 1) ... Данные времени <i>n</i> электрофореграммы (Electropherogram time data <i>n</i> )	ElectropherogramTimeDataType	–	Повторяется число раз, равное числу временных данных см. таблицу 33

Таблица 32 – Поле «Данные красителей флуоресценции» (ElectropherogramDyeDataType)

Поле	Тип данных	Допустимые значения	Примечание
Наименование красителя 1 (Dye name 1) ... Наименование красителя <i>n</i> (Dye name <i>n</i> )	string	–	Наименование цвета красителя. Повторяется число раз, равное числу красителей

Таблица 33 – Поле «Данные времени электрофореграммы» (ElectropherogramTimeDataType)

Поле	Тип данных	Допустимые значения	Примечание
Время на дорожке (Time in the run)	integer	–	–
Интенсивность флуоресценции для красителя 1 (Fluorescence strength for dye 1) ... Интенсивность флуоресценции для красителя <i>n</i> (Fluorescence strength for dye <i>n</i> )	float	–	Повторяется число раз, равное числу красителей

Значения поля «Данные времени и соответствующих значений пар оснований» (Time and base pair correspondence data), как правило, производятся во время электрофоретического анализа. Так как с помощью электрофореза можно обнаружить только время и интенсивность пика, используются маркеры длин. С использованием электрофореграммы маркеров длин (которую можно рассматривать как «референсный образец») рассчитывается соответствие между временем и парами оснований. Значения поля «Данные времени и соответствующих значений пар оснований» (Time and base pair correspondence data) являются результатом этого расчета, который содержит время и соответствующее значение пар оснований (таблицы 34 – 35).

Таблица 34 – Поле «Данные времени и соответствующих значений пар оснований» (ТВРСType)

Поле	Тип данных	Допустимые значения	Примечание
Название дорожки (Run name)	string	–	–
Наименование файла образца (Sample file name)	string	–	–

## Окончание таблицы 34

Поле	Тип данных	Допустимые значения	Примечание
Данные соответствия 1 (Correspondence data 1) ... Данные соответствия $n$ (Correspondence data $n$ )	Correspondence- DataType	–	Повторяется ис- ло раз, равное чис- лу соответствий. См. таблицу 35

Таблица 35 – Поле «Данные соответствия» (CorrespondenceDataType)

Поле	Тип данных	Допустимые значения	Примечание
Время на дорожке (Time in the run)	integer	–	–
Длина пар оснований (Base pair size)	float	–	–

Информация о проверке локусов включает данные полей «Данные панели» (Panel data) и «Бинарные данные» (Bin data).

Поля «Данные панели» и «Бинарные данные» используются для определения идентификации аллелей по электрофореграмме. Поле «Данные панели» определяет набор определений групп для одного или более локусов (таблицы 36 – 37). Эти данные включают цвет красителя и диапазон корректных размеров ампликона. Данные также включают диапазон высоты электрофоретического пика, в котором аллель должна считаться идентифицированной. В поле «Бинарные данные» указывается диапазон размеров ампликона. Определяется каждая идентификация аллели (число повторов).

Таблица 36 – Поле «Данные панели» (PanelType)

Поле	Тип данных	Допустимые значения	Примечание
Наименование набора праймеров (Primer set name)	string	–	–

## Окончание таблицы 36

Поле	Тип данных	Допустимые значения	Примечание
Данные аллели 1 панели (Panel allele data 1) ... Данные аллели n панели (Panel allele data n)	EPanelAlleleDataType	–	Повторяетсяисло раз, равное числу аллелей. См. таблицу 37

Таблица 37 – Поле «Данные аллели панели» (PanelAlleleDataType)

Поле	Тип данных	Допустимые значения	Примечание
Название локуса (Locus name)	string	–	Название локуса, например, «D8S1179»
Название красителя (Dye name)	string	–	Краситель, используемый для анализа данного локуса
Минимальный размер аллели (Minimal allele size)	float	–	–
Максимальный размер аллели (Maximum allele size)	float	–	–
Коэффициент шума (Noise ratio)	float	0.1 – 1.0	Отображает, какая интенсивность флуоресценции принимается как достоверная идентификация аллели

В поле «Бинарные данные» указывается диапазон размеров ампликона (таблицы 38 – 40). Определяется каждая идентификация аллели (число повторов).

Таблица 38 – Поле «Бинарные данные» (BinType)

Поле	Тип данных	Допустимые значения	Примечание
Наименование набора праймеров (Primer set name)	string	–	–

## Окончание таблицы 38

Поле	Тип данных	Допустимые значения	Примечание
Бинарные данные локуса 1 (Bin locus data 1) ... Бинарные данные локуса $n$ (Bin locus data $n$ )	BinLocusDataType	–	Повторяется число раз, равное числу бинарных данных локуса. См. таблицу 39

Таблица 39 – Поле «Бинарные данные локуса» (BinLocusDataType)

Поле	Тип данных	Допустимые значения	Примечание
Название локуса (Locus name)	string	–	Название локуса, например, «D8S1179»
Бинарные данные идентификации 1 (Bin call data 1) ... Бинарные данные идентификации $n$ (Bin call data $n$ )	BinCallDataType	–	Повторяется число раз, равное числу бинарных данных идентификации. См. таблицу 40

Таблица 40 – Поле «Бинарные данные идентификации» (BinCallDataType)

Поле	Тип данных	Допустимые значения	Примечание
Идентификация аллели (Allele call)	AlleleCallType	–	См. таблицу 26
Среднее значение длины пар оснований (Average base pair size)	float	–	Среднее значение длины пар оснований для данной идентификации
Отрицательное отклонение длины пар оснований (Minus deviation base pair size)	float	–	Максимальное отрицательное отклонение от среднего значения длины пар оснований

## Окончание таблицы 40

Поле	Тип данных	Допустимые значения	Примечание
Положительное отклонение длины пар оснований (Plus deviation base pair size)	float	–	Максимальное положительное отклонение от среднего значения длины пар оснований

Данные референсной электрофореграммы должны быть указаны в поле «Данные времени и интенсивности флуоресценции» в виде необработанных данных (таблица 41):

- данных времени и интенсивности флуоресценции.

Таблица 41 – Поле «Данные референсной электрофореграммы» (EPGRef-Type)

Поле	Тип данных	Допустимые значения	Примечание
Данные времени и интенсивности флуоресценции (Time and fluorescence strength data)	TFSDType	–	См. таблицу 31

Электрофоретические данные митохондриальной последовательности должны быть определены в полях «Данные времени (на дорожке) и интенсивности флуоресценции» и «Назначение красителя для нуклеотида» (Dye assignment for base) (таблица 42). Поле «Назначение красителя для нуклеотида» должно определять соответствие цвета красителя и типа нуклеотида и, таким образом, содержать два поля «Название красителя» (Dye name) и «Тип нуклеотида» (Base type) (таблица 43).

Таблица 42 – Поле «Электрофоретические данные митохондриальной последовательности» (EPGmitoType)

Поле	Тип данных	Допустимые значения	Примечание
Данные времени и интенсивности флуоресценции (Time and fluorescence strength data)	TFSD-Type	–	См. таблицу 31
Назначение красителя для нуклеотида 1 (Dye assignment for base 1) ... Назначение красителя для нуклеотида $n$ (Dye assignment for base $n$ )	Dye-Base-Assign-Type	–	Повторяетсяисло раз, равное числу типов нуклеотидов ИЮПАК. См. таблицу 43

Таблица 43 – Поле «Назначение красителя для нуклеотида» (DyeBaseAssignType)

Поле	Тип данных	Допустимые значения	Примечание
Название красителя (Dye name)	string	–	–
Тип нуклеотида (Base type)	string	Значение ИЮПАК	См. таблицу 27

## 6.3.3.2.5 Поле «Пользовательские данные ДНК» (User defined DNA data)

Структура поля «Пользовательские данные ДНК» представлена в таблице 44.

Таблица 44 – Поле «Пользовательские данные ДНК»

Поле	Тип данных	Допустимые значения	Примечание
Код типа (Type code)	string	–	–
Данные (Data)	base64Binary	–	Кодировка Base 64



## Приложение А

### (обязательное)

#### Методология испытаний на соответствие

##### А.1 Общие положения

Настоящий стандарт определяет формат обмена биометрическими данными для хранения, записи и передачи одного или нескольких представлений ДНК. Каждое представление сопровождается содержащимися в записи заголовка метаданными. Настоящее приложение определяет порядок проведения испытаний для проверки корректности записи.

Цель настоящего стандарта не может быть полностью достигнута до тех пор, пока биометрические продукты не пройдут испытаний на соответствие требованиям настоящего стандарта. Соответствие реализации является необходимым условием для достижения совместимости между реализациями, поэтому существует необходимость в стандартизированной методологии испытаний на соответствие, тестовых утверждениях и методиках испытаний применительно к конкретным биометрическим модальностям, рассмотренным в настоящем стандарте. Тестовыми утверждениями проверяются наиболее важные требования настоящего стандарта, и соответствие результатов, полученных с помощью комплектов для проведения испытаний на соответствие, будет показывать степень соответствия реализаций настоящему стандарту. Это является причиной разработки данной методологии испытаний на соответствие.

Настоящее приложение является обязательным и предназначено для определения элементов методологии испытаний на соответствие, тестовых утверждений и методик испытаний применительно к настоящему стандарту. Для текущей версии настоящего стандарта содержание настоящего приложения будет доступно в виде отдельного документа (Изменение), дополняющего настоящий стандарт.

**Приложение В**  
**(обязательное)**  
**XML-схема данных ДНК**

Настоящее приложение с примером XML-схемы данных ДНК должно быть адаптировано и синхронизировано в соответствии с правилами и определениями ИСО/МЭК 19794-1:2011 (Изм.2) (Структура XML-кодирования).

```
<?xml version="1.0" encoding="UTF-8"?>

<xs:schema xmlns:xs="http://www.w3.org/2001/XMLSchema"
xmlns="http://standards.iso.org/iso-iec/19794/-14/ed-1"
xmlns:dna="http://standards.iso.org/iso-iec/19794/-14/ed-1"
xmlns:cmn="http://standards.iso.org/iso-iec/19794/-1/ed-2/amd/2"
targetNamespace="http://standards.iso.org/iso-iec/19794/-14/ed-1"
elementFormDefault="qualified" attributeFormDefault="unqualified">
  <xs:annotation>
    <xs:documentation>Permission is hereby granted, free of
charge in perpetuity, to any person obtaining a copy of the
Schema, to use, copy, modify, merge and distribute free of
charge, copies of the Schema for the purposes of developing,
implementing, installing and using software based on the Sche-
ma, and to permit persons to whom the Schema is furnished to
do so, subject to the following conditions: THE SCHEMA IS PRO-
VIDED "AS IS", WITHOUT WARRANTY OF ANY KIND, EXPRESS OR IM-
PLIED, INCLUDING BUT NOT LIMITED TO THE WARRANTIES OF MERCHAN-
TABILITY, FITNESS FOR A PARTICULAR PURPOSE AND NONINFRINGEMENT.
IN NO EVENT SHALL THE AUTHORS OR COPYRIGHT HOLDERS BE
LIABLE FOR ANY CLAIM, DAMAGES OR OTHER LIABILITY, WHETHER IN
AN ACTION OF CONTRACT, TORT OR OTHERWISE, ARISING FROM, OUT OF
OR IN CONNECTION WITH THE SCHEMA OR THE USE OR OTHER DEALINGS
IN THE SCHEMA.</xs:documentation>
  </xs:annotation>
  <xs:annotation>
    <xs:documentation>This XML Schema contains all Complex and
Simple Type definitions used in DNA data inter-
change</xs:documentation>
    <xs:documentation>Status: DIS v1.0</xs:documentation>
  </xs:annotation>
  <xs:import namespace="http://standards.iso.org/iso-iec/19794/-
1/ed-2/amd/2" schemaLocation="19794-1_common-final.xsd"/>
  <xs:simpleType name="LocusStatusType">
    <xs:restriction base="xs:string">
      <xs:enumeration value="Normal"/>
      <xs:enumeration value="SilentAllele"/>
      <xs:enumeration value="Undetermined"/>
      <xs:enumeration value="NotAnalyzed"/>
    </xs:restriction>
  </xs:simpleType>
</xs:schema>
```

```

</xs:simpleType>
<xs:complexType name="LocusHeaderType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="NameOfLocusMarker" type="xs:string"/>
    <xs:element name="Status" type="LocusStatusType"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>
<xs:simpleType name="OperatorType">
  <xs:restriction base="xs:string">
    <xs:enumeration value="Equal"/>
    <xs:enumeration value="LowerLimit"/>
    <xs:enumeration value="UpperLimit"/>
    <xs:enumeration value="Range"/>
  </xs:restriction>
</xs:simpleType>
<xs:complexType name="AlleleCallType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="Operator" type="OperatorType"/>
    <xs:element name="AlleleCallNumber1" type="xs:float"/>
    <xs:element name="AlleleCallNumber2" type="xs:float"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>
<xs:complexType name="LocusInfoType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="LocusHeader" type="LocusHeaderType"/>
    <xs:element name="AlleleCall" type="AlleleCallType"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>
<xs:complexType name="LocusType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="LocusInformation" type="LocusInfoType"
      minOccurs="0"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>
<xs:simpleType name="IupacType">
  <xs:restriction base="xs:string">
    <xs:pattern value="[GATCRYMKSWHBVDN]+" />
  </xs:restriction>
</xs:simpleType>
<xs:complexType name="MtDnaType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="MitoControlRegion1" type="IupacType"/>
    <xs:element name="MitoControlRegion2" type="IupacType"/>
    <xs:element name="MitoDnaQuality1" type="xs:string"/>
    <xs:element name="MitoDnaQuality2" type="xs:string"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>
<xs:complexType name="UserDefinedType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="TypeCode" type="xs:string" minOc-
      curs="0"/>
    <xs:element name="Data" type="xs:base64Binary"/>
  </xs:sequence>

```

```

</xs:complexType>
</xs:complexType>
<xs:complexType name="ElectropherogramTimeDataType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="TimeIntheRun" type="xs:integer"/>
    <xs:element name="FluorescenceStrengths" minOccurs="0">
      <xs:complexType>
        <xs:sequence>
          <xs:element name="FluorescenceStrength"
            type="xs:float" minOccurs="0" maxOccurs="unbounded"/>
        </xs:sequence>
      </xs:complexType>
    </xs:element>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>
<xs:complexType name="ElectropherogramDyeDataType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="DyeName" type="xs:string" minOccurs="0" maxOccurs="unbounded"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>
<xs:complexType name="TfsdType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="RunName" type="xs:string"/>
    <xs:element name="SampleFileName" type="xs:string"/>
    <xs:element name="ElectropherogramDyeDataSet" minOccurs="0">
      <xs:complexType>
        <xs:sequence>
          <xs:element name="ElectropherogramDyeData"
            type="ElectropherogramDyeDataType" minOccurs="0"
            maxOccurs="unbounded"/>
        </xs:sequence>
      </xs:complexType>
    </xs:element>
    <xs:element name="ElectropherogramTimeDataSet" minOccurs="0">
      <xs:complexType>
        <xs:sequence>
          <xs:element name="ElectropherogramTimeData"
            type="ElectropherogramTimeDataType" minOccurs="0"
            maxOccurs="unbounded"/>
        </xs:sequence>
      </xs:complexType>
    </xs:element>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>
<xs:complexType name="CorrespondenceDataType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="TimeInTheRun" type="xs:integer"/>
    <xs:element name="BasePairSize" type="xs:float" minOccurs="0"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

```

```

</xs:sequence>
</xs:complexType>
<xs:complexType name="TbpcType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="RunName" type="xs:string"/>
    <xs:element name="SampleFileName" type="xs:string"/>
    <xs:element name="CorrespondenceDataSet" minOccurs="0">
      <xs:complexType>
        <xs:sequence>
          <xs:element name="CorrespondenceData"
            type="CorrespondenceDataType" minOccurs="0" maxOc-
            curs="unbounded"/>
        </xs:sequence>
      </xs:complexType>
    </xs:element>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>
<xs:complexType name="PanelAlleleDataType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="LocusName" type="xs:string"/>
    <xs:element name="DyeName" type="xs:string" minOc-
    curs="0"/>
    <xs:element name="MinAlleleSize" type="xs:float" minOc-
    curs="0"/>
    <xs:element name="MaxAlleleSize" type="xs:float" minOc-
    curs="0"/>
    <xs:element name="NoiseRatio" type="xs:float" minOc-
    curs="0"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>
<xs:complexType name="PanelType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="PrimerSetName" type="xs:string"/>
    <xs:element name="PanelAlleleDataSet" minOccurs="0">
      <xs:complexType>
        <xs:sequence>
          <xs:element name="PanelAlleleData"
            type="PanelAlleleDataType" minOccurs="0" maxOc-
            curs="unbounded"/>
        </xs:sequence>
      </xs:complexType>
    </xs:element>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>
<xs:complexType name="BinCallDataType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="AlleleCall" type="AlleleCallType"/>
    <xs:element name="AverageBasePairSize" type="xs:float"/>
    <xs:element name="MinusDeviationBasePairSize"
    type="xs:float"/>
    <xs:element name="PlusDeviationBasePairSize"
    type="xs:float"/>
  </xs:sequence>

```

```

</xs:complexType>
<xs:complexType name="BinLocusDataType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="LocusName" type="xs:string"/>
    <xs:element name="BinCallDataSet" minOccurs="0">
      <xs:complexType>
        <xs:sequence>
          <xs:element
            name="BinCallData"
            type="BinCallDataType" minOccurs="0" maxOc-
            curs="unbounded"/>
        </xs:sequence>
      </xs:complexType>
    </xs:element>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>
<xs:complexType name="BinType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="PrimerSetName" type="xs:string"/>
    <xs:element name="BinLocusDataSet" minOccurs="0">
      <xs:complexType>
        <xs:sequence>
          <xs:element name="BinLocusData"
            type="BinLocusDataType" minOccurs="0" maxOc-
            curs="unbounded"/>
        </xs:sequence>
      </xs:complexType>
    </xs:element>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>
<xs:complexType name="EpgType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="TfsdData" type="TfsdType"/>
    <xs:element name="TbpcData" type="TbpcType"/>
    <xs:element name="PanelData" type="PanelType"/>
    <xs:element name="BinData" type="BinType"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>
<xs:complexType name="EpgRefType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="TfsdData" type="TfsdType"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>
<xs:complexType name="DyeBaseAssignType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="DyeName" type="xs:string"/>
    <xs:element name="BaseType" type="IupacType"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>
<xs:complexType name="EpgMitoType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="TfsdData" type="TfsdType"/>

```

```

    <xs:element name="DyeBaseAssignment"
      type="DyeBaseAssignType" minOccurs="0" maxOccurs="unbounded" />
  </xs:sequence>
</xs:complexType>
<xs:complexType name="ElectropherogramType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="SampleData" type="EpgType" />
    <xs:element name="ReferenceData" type="EpgRefType" />
    <xs:element name="MitoEpgData" type="EpgMitoType" />
  </xs:sequence>
</xs:complexType>
<xs:complexType name="DnaTypingType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="StrDnaType" type="LocusType" minOccurs="0" />
    <xs:element name="YstrDnaType" type="LocusType" minOccurs="0" />
    <xs:element name="MtDnaData" type="MtDnaType" minOccurs="0" />
    <xs:element name="Electrophrogram"
      type="ElectropherogramType" minOccurs="0" />
    <xs:element name="UserDefinedDnaData"
      type="UserDefinedType" minOccurs="0" />
  </xs:sequence>
</xs:complexType>
<xs:simpleType name="RequestValue">
  <xs:restriction base="xs:string">
    <xs:enumeration value="DataSubmission" />
    <xs:enumeration value="DataSubmissionAndSearch" />
    <xs:enumeration value="Search" />
    <xs:enumeration value="UserDefined" />
  </xs:restriction>
</xs:simpleType>
<xs:simpleType name="ResultValue">
  <xs:restriction base="xs:string">
    <xs:enumeration value="UnableToProcess" />
    <xs:enumeration value="NoHit" />
    <xs:enumeration value="HitUserDefined" />
    <xs:enumeration value="UserDefined" />
  </xs:restriction>
</xs:simpleType>
<xs:complexType name="RequestType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="RequestValue" type="RequestValue" />
    <xs:element name="UserDefined" type="UserDefinedType"
      minOccurs="0" />
  </xs:sequence>
</xs:complexType>
<xs:complexType name="ResultType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="ResultValue" type="ResultValue" />
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

```

```

        <xs:element name="HitUserDefined" type="UserDefinedType"
            minOccurs="0" />
        <xs:element name="UserDefined" type="UserDefinedType"
            minOccurs="0" />
    </xs:sequence>
</xs:complexType>
<xs:simpleType name="LabCertificationType">
    <xs:restriction base="xs:string">
        <xs:enumeration value="NoValidation" />
        <xs:enumeration value="IsoIec17025Certification" />
        <xs:enumeration value="GlpValidation" />
        <xs:enumeration value="AabbCertification" />
        <xs:enumeration value="IsoILacGuild19Accreditation" />
        <xs:enumeration value="Unknown" />
        <xs:enumeration value="Unspecified" />
    </xs:restriction>
</xs:simpleType>
<xs:simpleType name="SoaType">
    <xs:restriction base="xs:string">
        <xs:enumeration value="Nuclear" />
        <xs:enumeration value="Mitochondrial" />
        <xs:enumeration value="Database" />
        <xs:enumeration value="Other" />
        <xs:enumeration value="Unspecified" />
    </xs:restriction>
</xs:simpleType>
<xs:complexType name="DnaTypingDataType">
    <xs:sequence>
        <xs:element name="DateAndTimeOfAnalaysis"
            type="xs:dateTime" />
        <xs:element name="BatchId" type="xs:string" minOccurs="0" />
        <xs:element name="DnaProfileId" type="xs:string" minOccurs="1" />
        <xs:element name="KitId" type="xs:string" minOccurs="0" />
        <xs:element name="LabCertifications" minOccurs="0">
            <xs:complexType>
                <xs:sequence>
                    <xs:element name="LabCertification"
                        type="LabCertificationType" minOccurs="0" maxOccurs="unbounded" />
                </xs:sequence>
            </xs:complexType>
        </xs:element>
        <xs:element name="ScopeOfAccreditations" minOccurs="0">
            <xs:complexType>
                <xs:sequence>
                    <xs:element name="ScopeOfAccreditation"
                        type="SoaType" minOccurs="0" maxOccurs="unbounded" />
                </xs:sequence>
            </xs:complexType>
        </xs:element>
    </xs:sequence>
</xs:complexType>

```



```

</xs:element>
<xs:element name="Request" type="RequestType"/>
<xs:element name="Result" type="ResultType"/>
<xs:element name="ErrorMessage" type="xs:string" minOccurs="0"/>
<xs:element name="SupplementaryMessage" type="xs:string"
minOccurs="0"/>
</xs:sequence>
</xs:complexType>
<xs:simpleType name="SampleCategoryType">
  <xs:restriction base="xs:string">
    <xs:enumeration value="Arrestee"/>
    <xs:enumeration value="ClaimedBiologicalChild"/>
    <xs:enumeration value="ClaimedBiologicalFather"/>
    <xs:enumeration value="ClaimedBiologicalMother"/>
    <xs:enumeration value="ClaimedBiologicalSibling"/>
    <xs:enumeration value="ClaimedBiologicalSpouse"/>
    <xs:enumeration value="ActualBiologicalChild"/>
    <xs:enumeration value="ActualBiologicalFather"/>
    <xs:enumeration value="ActualBiologicalMother"/>
    <xs:enumeration value="ActualBiologicalSibling"/>
    <xs:enumeration value="ActualBiologicalSpouse"/>
    <xs:enumeration value="AdoptiveBiologicalChild"/>
    <xs:enumeration value="AdoptiveBiologicalFather"/>
    <xs:enumeration value="AdoptiveBiologicalMother"/>
    <xs:enumeration value="AdoptiveBiologicalSibling"/>
    <xs:enumeration value="AdoptiveBiologicalSpouse"/>
    <xs:enumeration value="ConvictedOffender"/>
    <xs:enumeration value="UnknownForensic"/>
    <xs:enumeration value="Insurgent"/>
    <xs:enumeration value="KnownSuspectedTerrorist"/>
    <xs:enumeration value="MaternalRelative"/>
    <xs:enumeration value="MissingPerson"/>
    <xs:enumeration value="PaternalRelative"/>
    <xs:enumeration value="KnownSuspect"/>
    <xs:enumeration value="UnidentifiedLiving"/>
    <xs:enumeration value="UnidentifiedDead"/>
    <xs:enumeration value="KnownVictim"/>
    <xs:enumeration value="Detainee"/>
    <xs:enumeration value="Other"/>
    <xs:enumeration value="Unspecified"/>
  </xs:restriction>
</xs:simpleType>
<xs:simpleType name="SampleCellularType">
  <xs:restriction base="xs:string">
    <xs:enumeration value="Blood"/>
    <xs:enumeration value="Bone"/>
    <xs:enumeration value="BuccalCell"/>
    <xs:enumeration value="CommingledBiologicalMaterial"/>
    <xs:enumeration value="Hair"/>
    <xs:enumeration value="Saliva"/>
    <xs:enumeration value="Semen"/>
    <xs:enumeration value="Skin"/>
  </xs:restriction>
</xs:simpleType>

```

```

        <xs:enumeration value="SweatFingerprint"/>
        <xs:enumeration value="Tissue"/>
        <xs:enumeration value="ToothPulp"/>
        <xs:enumeration value="Other"/>
        <xs:enumeration value="Unknown"/>
        <xs:enumeration value="Unspecified"/>
    </xs:restriction>
</xs:simpleType>
<xs:simpleType name="SampleTypingTechnologyType">
    <xs:restriction base="xs:string">
        <xs:enumeration value="Str"/>
        <xs:enumeration value="YStr"/>
        <xs:enumeration value="MtDna"/>
        <xs:enumeration value="Electropherogram"/>
        <xs:enumeration value="UserDefinedTyping"/>
    </xs:restriction>
</xs:simpleType>
<xs:simpleType name="SpecimenContributorType">
    <xs:restriction base="xs:string">
        <xs:maxLength value="7"/>
        <xs:enumeration value="Known"/>
        <xs:enumeration value="Unknown"/>
    </xs:restriction>
</xs:simpleType>
<xs:complexType name="GeoLocationType">
    <xs:sequence>
        <xs:element name="Latitude" type="xs:float"/>
        <xs:element name="Longitude" type="xs:float"/>
    </xs:sequence>
</xs:complexType>
<xs:simpleType name="SpecimenIDType">
    <xs:restriction base="xs:string">
        <xs:maxLength value="24"/>
    </xs:restriction>
</xs:simpleType>
<xs:simpleType name="PedigreeMbrStatusType">
    <xs:restriction base="xs:string">
        <xs:enumeration value="Known"/>
        <xs:enumeration value="Unknown"/>
    </xs:restriction>
</xs:simpleType>
<xs:simpleType name="GenderType">
    <xs:restriction base="xs:string">
        <xs:enumeration value="Male"/>
        <xs:enumeration value="Female"/>
    </xs:restriction>
</xs:simpleType>
<xs:complexType name="PedigreeMbrType">
    <xs:sequence>
        <xs:element name="PedigreeMemberId" type="xs:integer"/>
        <xs:element name="SpecimenId" type="SpecimenIDType"/>
        <xs:element name="MotherId" type="xs:integer"/>
        <xs:element name="FatherId" type="xs:integer"/>
    </xs:sequence>

```

```

    <xs:element name="PedigreeMemberStatus"
      type="PedigreeMbrStatusType"/>
    <xs:element name="Gender" type="GenderType"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>
<xs:complexType name="PedigreeType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="PedigreeId" type="xs:integer"/>
    <xs:element name="PedigreeMembers" minOccurs="0">
      <xs:complexType>
        <xs:sequence>
          <xs:element name="PedigreeMember"
            type="PedigreeMbrType" maxOccurs="unbounded"/>
        </xs:sequence>
      </xs:complexType>
    </xs:element>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>
<xs:complexType name="PedigreeTreeType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="Pedigree" type="PedigreeType" maxOc-
      curs="unbounded"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>
<xs:complexType name="RepresentationHeaderType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="SampleCollectionDate"
      type="xs:dateTime"/>
    <xs:element name="SampleCategory"
      type="SampleCategoryType"/>
    <xs:element name="SampleCellularType"
      type="SampleCellularType"/>
    <xs:element name="SampleTypingTechnology"
      type="SampleTypingTechnologyType"/>
    <xs:element name="SpecimenContributor"
      type="SpecimenContributorType"/>
    <xs:element name="SampleCollectionMethod"
      type="xs:string" minOccurs="0"/>
    <xs:element name="SampleCollectionLocation"
      type="xs:string" minOccurs="0"/>
    <xs:element name="SampleCollectionGeoLocation"
      type="GeoLocationType" minOccurs="0"/>
    <xs:element name="PedigreeTrees" minOccurs="0">
      <xs:complexType>
        <xs:sequence>
          <xs:element name="PedigreeTree"
            type="PedigreeTreeType" minOccurs="0" maxOc-
              curs="unbounded"/>
        </xs:sequence>
      </xs:complexType>
    </xs:element>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

```

```

<xs:complexType name="DnaRepresentationType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="RepresentationHeader"
      type="RepresentationHeaderType"/>
    <xs:element name="DnaTypingData"
      type="DnaTypingDataType"/>
    <xs:element name="DnaTyping" type="DnaTypingType"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>
<xs:simpleType name="FormatIdentifierType">
  <xs:restriction base="xs:string">
    <xs:maxLength value="3"/>
    <xs:enumeration value="Dna"/>
  </xs:restriction>
</xs:simpleType>
<xs:simpleType name="CommunicationDirectionType">
  <xs:restriction base="xs:string">
    <xs:enumeration value="Request"/>
    <xs:enumeration value="Answer"/>
  </xs:restriction>
</xs:simpleType>
<xs:simpleType name="EntityType">
  <xs:restriction base="xs:string">
    <xs:enumeration value="G"/>
    <xs:enumeration value="GM"/>
    <xs:enumeration value="GR"/>
    <xs:enumeration value="I"/>
    <xs:enumeration value="IM"/>
    <xs:enumeration value="IR"/>
    <xs:enumeration value="O"/>
    <xs:enumeration value="OM"/>
    <xs:enumeration value="OR"/>
    <xs:enumeration value="U"/>
    <xs:enumeration value="UM"/>
    <xs:enumeration value="UR"/>
  </xs:restriction>
</xs:simpleType>
<xs:complexType name="PartyType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="NationalityCode" type="xs:string"/>
    <xs:element name="EntityName" type="xs:string"/>
    <xs:element name="PersonName" type="xs:string"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>
<xs:complexType name="GeneralHeaderType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="FormatIdentifier"
      type="FormatIdentifierType"/>
    <xs:element name="Version" type="cmn:VersionType"/>
    <xs:element name="CommunicationDirection"
      type="CommunicationDirectionType"/>
    <xs:element name="SendingParty" type="PartyType"/>
    <xs:element name="ReceivingParty" type="PartyType"/>
  </xs:sequence>

```

```
<xs:element name="EntityType" type="EntityType" />
<xs:element name="DateAndTimeOfDataProcessing"
type="xs:dateTime" />
</xs:sequence>
</xs:complexType>
<xs:element name="Dna">
  <xs:complexType>
    <xs:sequence>
      <xs:element name="GeneralHeader"
type="GeneralHeaderType" />
      <xs:element name="Representations" minOccurs="0">
        <xs:complexType>
          <xs:sequence>
            <xs:element name="Representation"
type="DnaRepresentationType" maxOc-
curs="unbounded" />
          </xs:sequence>
        </xs:complexType>
      </xs:element>
    </xs:sequence>
  </xs:complexType>
</xs:element>
</xs:schema>
```

## Приложение С

(обязательное)

## Идентификаторы наборов реагентов

## С.1 Идентификаторы наборов реагентов

Таблица С.1 – Идентификаторы наборов реагентов

Идентификатор набора реагентов (название набора реагентов для ПЦР) <sup>1</sup>	Изготовитель	Описание набора реагентов
Profiler	Applied Biosystems	AmpFISTR <sup>®</sup> Profiler <sup>®</sup> (Артикул 403038)
Profiler Plus	Applied Biosystems	AmpFISTR <sup>®</sup> Profiler Plus <sup>®</sup> (Артикул 4303326)
COfiler	Applied Biosystems	AmpFISTR <sup>®</sup> COfiler <sup>®</sup> (Артикул 4305246)
Profiler Plus and COfiler	Applied Biosystems	AmpFISTR <sup>®</sup> Profiler Plus <sup>®</sup> and COfiler <sup>®</sup> (Артикул 4305979)
Profiler Plus ID	Applied Biosystems	AmpFISTR <sup>®</sup> Profiler Plus <sup>®</sup> ID (Артикул 4330284)
Profiler Plus ID and COfiler	Applied Biosystems	AmpFISTR <sup>®</sup> Profiler Plus <sup>®</sup> ID and COfiler <sup>®</sup> (Артикул 4330621)
SGM Plus	Applied Biosystems	AmpFISTR <sup>®</sup> SGM Plus <sup>®</sup> (Артикул 4307133)
Identifiler	Applied Biosystems	AmpFISTR <sup>®</sup> Identifiler <sup>®</sup> (Артикул 4322288)
Identifiler Direct	Applied Biosystems	AmpFISTR <sup>®</sup> Identifiler <sup>®</sup> Direct PCR Amplification Kit (Артикул 4408580)
Identifiler Plus	Applied Biosystems	AmpFISTR <sup>®</sup> Identifiler <sup>®</sup> Plus PCR Amplification Kit (Артикул 4427368)
MiniFiler	Applied Biosystems	AmpFISTR <sup>®</sup> MiniFiler <sup>™</sup> PCR Amplification Kit (Артикул 4373872)

<sup>1</sup> Информация в настоящем приложении представлена для удобства пользователей настоящего стандарта и не означает одобрения ИСО или МЭК указанных продуктов

## Продолжение таблицы С.1

Идентификатор набора реагентов (название набора реагентов для ПЦР)	Изготовитель	Описание набора реагентов
NGM	Applied Biosystems	AmpFISTR <sup>®</sup> NGM <sup>™</sup> PCR Amplification Kit (Артикулы 4415021 / 4415020)
NGM SElect	Applied Biosystems	AmpFISTR <sup>®</sup> NGM SElect <sup>™</sup> PCR Amplification Kit (Артикулы 4457890 / 4457889)
SEfiler Plus	Applied Biosystems	AmpFISTR <sup>®</sup> SEfiler Plus <sup>™</sup> PCR Amplification Kit (Артикул 4382699)
Yfiler	Promega	AmpFISTR <sup>®</sup> Yfiler <sup>®</sup> PCR Amplification Kit (Артикул 4359513)
PowerPlex 1.1	Promega	PowerPlex <sup>®</sup> 1.1 (Номера по каталогу DC6091 / 6090)
PowerPlex 1.2	Promega	PowerPlex <sup>®</sup> 1.2 (Номера по каталогу DC6100 / 6101)
PowerPlex 1.1 и PowerPlex 1.2 <sup>1</sup>	Promega	PowerPlex <sup>®</sup> 1.1 и PowerPlex <sup>®</sup> 1.2 (Номера по каталогу DC6501 / DC6500)
PowerPlex 2.1	Promega	PowerPlex <sup>®</sup> 2.1 (Номера по каталогу DC 6471 / 6470)
PowerPlex 16	Promega	PowerPlex <sup>®</sup> 16 (Номера по каталогу DC 6531 / 6530)
PowerPlex 16 BIO	Promega	PowerPlex <sup>®</sup> 16 BIO (Номера по каталогу DC 6541 / 6540)
PowerPlex 16 HS	Promega	PowerPlex <sup>®</sup> 16 HS System (Номера по каталогу DC2101 / DC2100)
PowerPlex 18D	Promega	PowerPlex <sup>®</sup> 18D System (Номера по каталогу DC 1802 / 1808)
PowerPlex CS7	Promega	PowerPlex <sup>®</sup> CS7 System, Custom (Номер по каталогу X6613)

<sup>1</sup> В оригинале ИСО/МЭК 19794-14 допущена ошибка – вместо «PowerPlex 1.1 and PowerPlex 1.2» указано «PowerPlex 1.1 and PowerPlex 1.1»

## Продолжение таблицы С.1

Идентификатор набора реагентов (название набора реагентов для ПЦР)	Изготовитель	Описание набора реагентов
PowerPlex ES	Promega	PowerPlex <sup>®</sup> ES System (Номера по каталогу DC6731 / DC6730)
PowerPlex ESX 16	Promega	PowerPlex <sup>®</sup> ESX 16 System (Номера по каталогу DC6711 / DC6710)
PowerPlex ESI 16	Promega	PowerPlex <sup>®</sup> ESI 16 System (Номера по каталогу DC6771 / DC6770)
PowerPlex ESX 17	Promega	PowerPlex <sup>®</sup> ESX 17 System (Номера по каталогу DC6721 / DC6720)
PowerPlex ESI 17	Promega	PowerPlex <sup>®</sup> ESI 17 System (Номера по каталогу DC6781 / DC6780)
PowerPlex ESX 16 и PowerPlex ESI 16	Promega	PowerPlex <sup>®</sup> ESX 16 и PowerPlex <sup>®</sup> ESI 16 Systems Bundle (Номера по каталогу DC6792 / DC6793)
PowerPlex ESX 17 и PowerPlex ESI 17	Promega	PowerPlex <sup>®</sup> ESX 17 and PowerPlex <sup>®</sup> ESI 17 Systems Bundle (Номера по каталогу DC6790 / DC6791)
PowerPlex S5	Promega	PowerPlex <sup>®</sup> S5 System (Номера по каталогу DC6951 / DC6950)
PowerPlex Y	Promega	PowerPlex <sup>®</sup> Y System (Номера по каталогу DC6761 / DC6760)
Monoplex D5S818	Promega	PowerPlex <sup>®</sup> 16 и ES Monoplex System, D5S818 (Номер по каталогу DC6601)
Monoplex D7S820	Promega	PowerPlex <sup>®</sup> 16 и ES Monoplex System, D7S820 (Номер по каталогу DC6621)
Monoplex D13S317	Promega	PowerPlex <sup>®</sup> 16 и ES Monoplex System, D13S317 (Номер по каталогу DC6611)
Monoplex D16S539	Promega	PowerPlex <sup>®</sup> 16 и ES Monoplex System, D16S539 (Номер по каталогу DC6631)



## Продолжение таблицы С.1

Идентификатор набора реагентов (название набора реагентов для ПЦР)	Изготовитель	Описание набора реагентов
Monoplex TH01	Promega	PowerPlex <sup>®</sup> 16 и ES Monoplex System, TH01 (Номер по каталогу DC6561)
Monoplex TPOX	Promega	PowerPlex <sup>®</sup> 16 и ES Monoplex System, TPOX (Номер по каталогу DC6681)
Monoplex CSF1PO	Promega	PowerPlex <sup>®</sup> 16 и ES Monoplex System, CSF1PO (Номер по каталогу DC6641)
Monoplex vWA	Promega	PowerPlex <sup>®</sup> 16 и ES Monoplex System, vWA (Номер по каталогу DC6661)
Monoplex Penta E	Promega	PowerPlex <sup>®</sup> 16 и ES Monoplex System, Penta E (Номер по каталогу DC6591)
Monoplex Penta D	Promega	PowerPlex <sup>®</sup> 16 и ES Monoplex System, Penta D (Номер по каталогу DC6651)
Monoplex SE33	Promega	PowerPlex <sup>®</sup> 16 и ES Monoplex System, SE33 (Номер по каталогу DC6751)
Monoplex D3S1358	Promega	PowerPlex <sup>®</sup> 16 и ES Monoplex System, D3S1358 (Номер по каталогу DC6551)
Monoplex D21S11	Promega	PowerPlex <sup>®</sup> 16 и ES Monoplex System, D21S11 (Номер по каталогу DC6571)
Monoplex D18S51	Promega	PowerPlex <sup>®</sup> 16 и ES Monoplex System, D18S51 (Номер по каталогу DC6581)
Monoplex D8S1179	Promega	PowerPlex <sup>®</sup> 16 и ES Monoplex System, D8S1179 (Номер по каталогу DC6671)
Monoplex FGA	Promega	PowerPlex <sup>®</sup> 16 и ES Monoplex System, FGA (Номер по каталогу DC6691)
GammaSTR <sup>®</sup> Multiplex	Promega	GenePrint <sup>®</sup> GammaSTR <sup>®</sup> Multiplex D16S539, D7S820, D13S317, D5S818 (Номера по каталогу DC6071 / DC6070)

## Продолжение таблицы С.1

Идентификатор набора реагентов (название набора реагентов для ПЦР)	Изготовитель	Описание набора реагентов
CSF1PO, TPOX, TH01, vWA	Promega	GenePrint® CSF1PO, TPOX, TH01, vWA Multiplex (Номера по каталогу DC6301 / DC6300)
F13A01, FESFPS, F13B, LPL	Promega	GenePrint® F13A01, FESFPS, F13B, LPL Multiplex (Номера по каталогу DC6311 / DC6310)
Monoplex D5S818	Promega Monoplex	Monoplex D5S818 (Номер по каталогу DC6161) *недоступен для покупки
Monoplex D7S820	Promega Monoplex	Monoplex D7S820 (Номер по каталогу DC6141) *недоступен для покупки
Monoplex D13S317	Promega Monoplex	Monoplex D13S317 (Номер по каталогу DC6151) *недоступен для покупки
Monoplex D16S539	Promega Monoplex	Monoplex D16S539 (Номер по каталогу DC6131) *недоступен для покупки
Monoplex TH01	Promega Monoplex	Monoplex TH01 (Номер по каталогу DC5081) *недоступен для покупки
Monoplex TPOX	Promega Monoplex	Monoplex TPOX (Номер по каталогу DC5111) *недоступен для покупки
Monoplex CSF1PO	Promega Monoplex	Monoplex CSF1PO (Номер по каталогу DC5091) *недоступен для покупки
Monoplex vWA	Promega Monoplex	Monoplex vWA (Номер по каталогу DC5141) *недоступен для покупки
Investigator ESSple	Qiagen	Investigator ESSplex Kit (Номера по каталогу 381515 / 381517)
Investigator ESSplex SE		Investigator ESSplex SE Kit (Номера по каталогу 381525 / 381527)
Investigator Decaplex SE		Investigator Decaplex SE Kit (Номера по каталогу 381025 / 381027)

## Окончание таблицы С.1

Идентификатор набора реагентов (название набора реагентов для ПЦР)	Изготовитель	Описание набора реагентов
Investigator IDplex		Investigator IDplex Kit (Номера по каталогу 381615 / 381617)
Investigator Nonaplex ESS		Investigator Nonaplex ESS Kit (Номера по каталогу 381315 / 381317)
Investigator Hexaplex ESS		Investigator Hexaplex ESS Kit (Номера по каталогу 380615 / 380617)
Investigator Triplex DSF		Investigator Triplex DSF Kit (Номера по каталогу 380325 / 380327)
Investigator Triplex AFS QS		Investigator Triplex AFS QS Kit (Номера по каталогу 380315 / 380317)
Investigator HDplex		Investigator HDplex Kit (Номера по каталогу 381213 / 381215)
Investigator Argus X-12		Investigator Argus X-12 Kit (Номера по каталогу 383213 / 383215)
Investigator Argus Y-12 QS		Investigator Argus Y-12 QS Kit (Номера по каталогу 383615 / 383617)

**С.2 Библиография**

Для получения соответствующей информации может быть использован следующий веб-сайт:

[http://www.nist.gov/itl/iad/ig/ansi\\_standard.cfm](http://www.nist.gov/itl/iad/ig/ansi_standard.cfm)

**Приложение Д**  
**(обязательное)**  
**Локусы ДНК**

**Д.1 Локусы ДНК**

Таблица Д.1 – Локусы ДНК

ИЛД <sup>1</sup>	Аутосомный локус КТП	ИЛД	Локус X-КТП	ИЛД	Локус Y-КТП
1	Амелогенин (amelogenin)	1	DXS10011	1	DXYS156
2	CD4	2	DXS10066	2	DYF371
3	CSF1PO	3	DXS10067	3	DYF385a
4	D10S1248	4	DXS10068	4	DYF385b
5	D10S1435	5	DXS10069	5	DYF395
6	D10S2325	6	DXS10074	6	DYF397a
7	D11S4463	7	DXS10075	7	DYF397b
8	D12ATA63	8	DXS10076	8	DYF397c
9	D12S391	9	DXS10077	9	DYF397d
10	D13S317	10	DXS10078	10	DYF399a
11	D14S1434	11	DXS10079	11	DYF399b
12	D16S539	12	DXS101	12	DYF399c
13	D17S1301	13	DXS10101	13	DYF406S1
14	D17S974	14	DXS10103	14	DYF408a
15	D18S51	15	DXS10129	15	DYF408b
16	D18S853	16	DXS10130	16	DYF408c
17	D19S433	17	DXS10131	17	DYF408d
18	D1GATA113	18	DXS10132	18	DYF411a
19	D1S1627	19	DXS10133	19	DYF411b
20	D1S1656	20	DXS10134	20	DYS19 (=DYS394)
21	D1S1677	21	DXS10135	21	DYS385a
22	D20S1082	22	DXS10146	22	DYS385b

<sup>1</sup> Идентификатор локуса ДНК (DLR, DNA Locus Reference)

## Продолжение таблицы D.1

ИЛД	Аутосомный локус КТП	ИЛД	Локус X-КТП	ИЛД	Локус Y-КТП
23	D20S482	23	DXS10147	23	DYS388
24	D21S11	24	DXS10148	24	DYS389I
25	D21S2055	25	DXS10159	25	DYS389II
26	D22S1045	26	DXS10160	26	DYS390
27	D2S1338	27	DXS10161	27	DYS391
28	D2S1360	28	DXS10162	28	DYS392
29	D2S1776	29	DXS10163	29	DYS393
30	D2S441	30	DXS10164	30	DYS395S1a
31	D3S1358	31	DXS10165	31	DYS395S1b
32	D3S1545	32	DXS6789	32	DYS413a
33	D3S1744	33	DXS6795	33	DYS413b
34	D3S3053	34	DXS6797	34	DYS425
35	D3S4529	35	DXS6799	35	DYS426
36	D4S2364	36	DXS6800	36	DYS434
37	D4S2366	37	DXS6801	37	DYS435
38	D4S2408	38	DXS6803	38	DYS436
39	D5S2500	39	DXS6804	39	DYS437
40	D5S818	40	DXS6807	40	DYS438
41	D6S1017	41	DXS6809	41	DYS439
42	D6S1043	42	DXS6810	42	DYS441
43	D6S474	43	DXS7130	43	DYS442
44	D7S1517	44	DXS7132	44	DYS444
45	D7S820	45	DXS7133	45	DYS445
46	D8S1115	46	DXS7423	46	DYS446
47	D8S1132	47	DXS7424	47	DYS447
48	D8S1179	48	DXS8377	48	DYS448
49	D9S1122	49	DXS8378	49	DYS449
50	D9S2157	50	DXS981	50	DYS450
51	F13A01	51	DXS9895	51	DYS452
52	F13B	52	DXS9898	52	DYS454
53	FESFPS	53	DXS9902	53	DYS455

## Продолжение таблицы D.1

ИЛД	Аутосомный локус КТП	ИЛД	Локус X-КТП	ИЛД	Локус Y-КТП
54	FGA	54	DXS9905	54	DYS456
55	GABA	55	DXS9906	55	DYS458
56	LPL	56	DXS9907	56	DYS459a
57	Penta_B	57	DXS9908	57	DYS459b
58	Penta_C	58	DXYS156	58	DYS460
59	Penta_D	59	GATA144D04	59	DYS461
60	Penta_E	60	GATA165B12	60	DYS462
61	SE33	61	GATA172D05	61	DYS463
62	TH01	62	GATA31E08	62	DYS464a
63	TPOX	63	HPRTB	63	DYS464b
64	vWA	64	HUMARA	64	DYS464c
				65	DYS464d
				66	DYS464e
				67	DYS464f
				68	DYS464g
				69	DYS472
				70	DYS481
				71	DYS485
				72	DYS487
				73	DYS490
				74	DYS492
				75	DYS495
				76	DYS511
				77	DYS520
				78	DYS522
				79	DYS527a (=DYF401a)
				80	DYS527b (=DYF401b)
				81	DYS531
				82	DYS532
				83	DYS534
				84	DYS537

## Продолжение таблицы D.1

ИЛД	Аутосомный локус КТП	ИЛД	Локус X-КТП	ИЛД	Локус Y-КТП
				85	DYS557
				86	DYS565
				87	DYS568
				88	DYS570
				89	DYS572
				90	DYS576
				91	DYS578
				92	DYS590
				93	DYS594
				94	DYS607
				95	DYS617
				96	DYS635 (Y-GATA-C4)
				97	DYS640
				98	DYS641
				99	DYS643
				100	DYS650
				101	DYS652
				102	DYS709
				103	DYS710
				104	DYS712
				105	DYS714
				106	DYS715
				107	DYS716
				108	DYS717
				109	DYS724a (=CDYa)
				110	DYS724b (=CDYb)
				111	DYS725a
				112	DYS725b
				113	DYS725c
				114	DYS725d

*Окончание таблицы D.1*

				115	DYS726
				116	YCAIIa
				117	YCAIIb
				118	Y-GATA-A10
				119	Y-GATA-H4
				120	Y-GGAAT-1B07

**D.2 Библиография**

Для получения соответствующей информации может быть использован следующий веб-сайт:

[http://www.nist.gov/itl/iad/ig/ansi\\_standard.cfm](http://www.nist.gov/itl/iad/ig/ansi_standard.cfm)



**Приложение ДА**  
**(справочное)**

**Сведения о соответствии ссылочных международных стандартов  
национальным стандартам Российской Федерации**

Таблица ДА.1

Обозначение ссылочного международного стандарта	Степень соответствия	Обозначение и наименование соответствующего национального стандарта
ИСО/МЭК 19794-1:2011	*	—
ИСО/МЭК 19794-1:2011 (Изм.2)	*	—
<p>*Соответствующий национальный стандарт отсутствует. До его утверждения рекомендуется использовать перевод на русский язык данного международного стандарта. Перевод данного международного стандарта находится в Федеральном информационном фонде технических регламентов и стандартов.</p>		

Ключевые слова: информационные технологии, биометрия, форматы обмена биометрическими данными, данные ДНК, ДНК, мтДНК, ДНК-профиль

---

Организация–разработчик:

Научно–исследовательский и испытательный центр биометрической техники  
Московского государственного технического университета имени  
Н.Э. Баумана (НИИЦ БТ МГТУ им. Н.Э. Баумана).