

# TIESU EKSPERTU PADOME

Antonijas iela 6, Rīgā, LV-1010, tālrunis: 67517734

e-pasts: [tiesueksperti@ta.gov.lv](mailto:tiesueksperti@ta.gov.lv)

Rīgā

Tiesu ekspertu kandidātu apmācības programma

**Nehumānas izcelsmes bioloģisko materiālu DNS (nhDNS) izpēte**

(specialitātes kods 06.02)

(Apmācību programma - 2050 akadēmiskās stundas: 400 teorētiskas un 1650 praktiskas)

Nr.p.k.	Tēmas nosaukums	Ilgums (akad. stundas)	Obligāti veicamo mācību ekspertīžu eksperta atzinumu skaits	Recenzējamo mācību ekspertīžu eksperta atzinumu skaits
1.	<p><b>Vispārīgā daļa</b></p> <p>Nehumānas DNS (nhDNS) ekspertīzes metodiskais pamatojums – augu, dzīvnieku, sēņu u. c. ģenētikas teorija, nhDNS jomas vēsture, zinātniskais pamatojums nhDNS izpētei un piemēri tiesu ekspertīzē no ārvalstu pieredzes un zinātniskajām publikācijām tiesu ekspertīzes žurnālos.</p> <p>Notikumu vietas apskate, izpētes objekts, salīdzinošie materiāli un kontroles materiāli. NhDNS ekspertīzes priekšmets, objekti un uzdevumi, risināmie jautājumi. Ekspertīzes izpētes shēma un sākotnējais novērtējums, eksperimenta plānošana.</p> <p>Augu un dzīvnieku taksonu identifikācija un izpētes objekta individualizācijas iespējas. Mērķa sekvences – genomiskās un hloroplastu DNS rajoni augiem (genomiskās DNS – ITS, hloroplastu DNS – <i>trnL-trnF</i>, <i>rbCL/matK</i>, <i>psbA-trnH</i>), mitohondriālās DNS gēni dzīvniekiem (<i>Cyt b</i>, <i>COI</i>, 12S, 16S rRNS gēni), genomiskās DNS gēni sēnēm (<i>ITS1</i>, 28S, 18S) un baktērijām (16S rRNS gēni). APST rekomendētie praimerī atsevišķu taksonu identifikācijai (taksonu specifiskie un universālie), taksonu specifisku viena nukleotīda polimorfismu (<i>single nucleotide polymorphism</i> – SNP) un īso tandēmo atkārtojumu (<i>short tandem repeats</i> – STR) analīze.</p>	400		

	<p>NhDNS individualizācija augiem un dzīvniekiem – iespējas un limitējošie faktori, lai veiktu individualizāciju līdz selekcionētām šķirnēm un indivīdam. Visbiežāk izmantotās metodes – taksonu specifisko STR marķieru analīze un SNP polimorfo nukleotīdu pozīciju analīze, izmantojot PĶR, fragmentu garuma analīzi, <i>Sanger</i> sekvenēšanu vai nākamās paaudzes sekvenēšanu.</p> <p>Literatūrā aprakstītie marķieri un marķieru sistēmas tiesu ekspertīzē nhDNS izpētei – augiem, mājdzīvniekiem, medījamiem dzīvniekiem, augsnes baktērijām un sintētiskais DNS.</p> <p>Cilvēka DNS izpētes vēsture, teorija, metodes un tiesiskais regulējums. Likumi un normatīvie akti, kas reglamentē nacionālās DNS datubāzes izveidošanu un izmantošanu:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- DNS nacionālās datubāzes izveidošanas un izmantošanas likums;</li> <li>- spēkā esošie MK noteikumi par DNS nacionālajā datubāzē iekļautās informācijas sniegšanu, kārtība, kādā pazudušu personu tuvi radnieki dod rakstveida piekrišanu salīdzināmo paraugu un ziņu iekļaušanai DNS nacionālajā datubāzē un to apstrādei un DNS nacionālajā datubāzē iekļaujamo ziņu sniegšanas, kā arī bioloģiskā materiāla un bioloģiskās izcelsmes pēdu izņemšanas kārtība.</li> </ul>			
2.	<p><b>nhDNS laboratorijas struktūra</b></p> <p>Laboratorijas telpu funkcionālais sadalījums darba zonās: „tīrās” un „netīrās” telpas.</p> <p>Izpētes objektu un salīdzinošo paraugu diferencēta uzglabāšana, apskate un izpēte; piesārņojuma novēršanas un kontroles pasākumi.</p> <p>Kvalitātes kontroles pasākumi izpētes metodēm, iekārtu un metožu validācija.</p> <p>NhDNS izpētes metodes, tam izmantojamā aparatūra, materiāli, reaģenti kā arī datorprogrammas rezultātu apstrādei.</p> <p>NhDNS izpētē izmantojamās instrukcijas, procedūras, darba protokoli utt.</p> <p>Darba drošība, strādājot ar bioloģisko materiālu (asinīm, vīrusiem, baktērijām, sēnēm), skābēm, sārmjiem, organiskajiem</p>	200		

	šķīdinātājiem, kancerogēniem un mutagēniem reaģentiem, darbs ar autoklāvu un UV gaismu.			
3.	<p><b>nhDNS izdalīšana</b></p> <p>Izpētes objektu uzglabāšana, iesaiņojumi (polimērmateriāla, papīra, stikla, uztriepes tamponi u. c.), potenciālie zudumi un piesārņojums.</p> <p>DNS degradācija – mazgāšanas līdzekļi, UV gaismas un saules staru iedarbība, karstums un mitrums, pelējums, baktērijas, endo un ekso-nukleāzes.</p> <p>DNS uzglabāšanas metodes – žāvēšana, saldēšana, uzglabāšana ledusskapī, etilēndiamīntetraetiķskābes piedevas (<i>ethylenediaminetetra acetic acid, EDTA</i>).</p> <p>Eksperta atzinuma pieraksti.</p> <p>Izpētes objektu apskate un bioloģiskā materiāla izņemšana: orientējošie un pierādošie testi un reaģenti (piemēram, luminols asinīm, amilāzes tests siekalām u.c.), apgaismojums (piemēram, UV gaisma objektu izpētei). DNS izņemšana no objektiem veicot nomazgājumus, nokasījumus, izgriezumus. DNS izdalīšanas reaģentu komplekti augu un dzīvnieku DNS izpētei. DNS izdalīšana ar <i>in house</i> metodēm, buferšķīdumu pagatavošana. Reaģentu komplektu (izdalīšanas <i>kitu</i>) izvēle atbilstoši izpētes objektam, nhDNS izdalīšana no:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- zaļiem augiem un to daļām;</li> <li>- sēklām (ieskaitot, sēklu diedzēšana);</li> <li>- izkaltētiem augiem un to daļām;</li> <li>- sēņu augļķermeņiem un micēlija;</li> <li>- dzīvnieku asinīm, siekalām, matiem, kauliem, muskuļaudiem.</li> </ul> <p>Izdalītā nhDNS uzglabāšana, attīrīšana un koncentrēšana, tam izmantojamie reaģentu komplekti.</p>	200		
4.	<p><b>nhDNS kvantitatīva un kvalitatīva izvērtēšana</b></p> <p>Izdalītās nhDNS koncentrācijas un kvalitātes (degradācija, piesārņojums) noteikšana, izmantojot elektroforēzi, spektrofotometru un kvantitatīvo polimerāzes ķēdes reakciju (qPĶR).</p>	200		
5.	<p><b>nhDNS amplifikācija</b></p> <p>PĶR amplifikācijas teorētiskais pamats. PĶR iekārtu uzbūve un protokolu programmēšana un pielāgošana, reakciju</p>	200		

	<p>optimizēšana. Metodes priekšrocības – neliels parauga apjoms, degradēta un fragmentēta DNS izpēte, īss analīzes laiks, vairāklokusu PQR. Metodes trūkumi – kontaminācijas riski, jaukti nhDNS (<i>mixed samples</i>). preferences amplifikācija un stohastiskais efekts, inhibīcija.</p> <p>Polimerāzes ķēdes reakcijas veidi un to pielietojums.</p> <p>Amplifikācijas reaģentu maisījumi (<i>MasterMix</i>), to sastāvs, izmantošana un katra komponenta nozīme – DNS polimerāze, MgCl<sub>2</sub>, deoksinukleotīdu trifosfāti, praimeri, vērša seruma albumīns (<i>bovine serum albumin</i>, BSA). Komponentu koncentrāciju modifikācija un to ietekme uz izpētes rezultātiem. Praimeru dizains. Multiplekso reakciju dizains.</p>			
6.	<p><b>nhDNS analīze</b></p> <p>Elektroforēze, tās darbības pamatprincipi, amplificētu DNS fragmentu novērtēšana agarozes gēla elektroforēzē, elektroforēzes parametru ietekme uz rezultātiem, problēmsituācijas un to risinājumi.</p> <p>Sekvenēšana, tehniskie risinājumi (<i>Sanger, next generation sequencing</i>), teorētiskais pamats, iekārtu uzbūve, metožu plusi un mīnusi, paraugu sagatavošana sekvenēšanai, iekārtas sagatavošana. Iegūto rezultātu rediģēšana un sagatavošana analīzei, iegūto sekvenču salīdzināšana publiskās datubāzēs (NCBI un BOLD), DNS svītrkodēšana (<i>barcoding</i>).</p> <p>Fragmentu analīze – paraugu sagatavošana, iekārtas sagatavošana, rezultātu pārbaude, pīķu kļūdu, noviržu noteikšana, DNS profilu veidošana un atbilstības noteikšana, kļūdas noteikšana. Darbs ar jauktiem profiliem. Datubāzu veidošana.</p>	200		
7.	<p><b>nhDNS izpētes rezultātu analīze, interpretācija un statistiskā datu apstrāde</b></p> <p>Rezultātu analīze, paraugu vienādības konstatēšana, paraugu diferencēšana, pozitīvā un negatīvā kontrole. Kontaminācijas risku novērtējums. Metožu limitējošie faktori, piemēram, mitohondriālās DNS heteroplasmija u. c.</p> <p>Secinājumu veidi:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- taksona identifikācija – lokusi (organisma identifikācija līdz noteiktam</li> </ul>	425		

	<p>taksonomiskajam līmenim analizētajos lokusos);</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- individualizācija – STR-lokusi, STR-alēļu trepe, SNP, populāciju datubāzes;</li> <li>- ģeogrāfiskās izcelsmes noteikšana – mitohondriālās DNS, kodolu DNS fiksētu alēļu izpēte;</li> <li>- ģenealoģiskās izcelsmes, paternitātes un selekcijas noteikšana – “<i>kinship analysis</i>” paternitāte ar SNP un STR marķieriem, selekcijas noteikšanai izmanto ģenētiskos marķierus, kas atrodas genoma nekodējošos reģionos, ko konsekventi pārmanto no vienas paaudzes uz nākamo, un šim uzdevumam nepieciešamās populāciju datubāzes.</li> </ul> <p>Tīcamības pakāpes (LR) izskaitļošanas pamatprincipi, varbūtības teorija tiesu ekspertīzē. Tiesu ekspertīzes vadlīnijas un programmatūras. Nenoteiktību aprēķināšana, marķieru validēšana, testēšana, izmantojot references materiālus, iekārtu validēšana. Atsauce uz publikācijām un darbs ar literatūru.</p> <p>Eksperta atzinumu sagatavošana, otrā eksperta pārbaude.</p> <p>Laboratorijas references kolekciju un datubāžu veidošana, starptautiskās digitālās datubāzes (NCBI, BOLD u. c.).</p> <p>Starplaboratoriju salīdzinošā testēšana, kompetences pārbaude ar iekšējiem un ārējiem testiem.</p>			
8.	<p><b>Kriminālistikā fotogrāfija</b></p> <p>Fotografēšana notikuma vietas apskates laikā.</p> <p>Ekspertīzei iesniegto objektu fotografēšana. Mikro un makro fotogrāfija.</p> <p>Vāji redzamu un redzamu pēdu fotografēšana uz dažādām virsmām.</p>	25		
9.	<b>Pārbaudes darbi un kvalifikācijas darbs</b>	200		
		<b>2050</b>	<b>20</b>	<b>5</b>

## LITERATŪRA:

### 1. Grāmatas

- 1.1. Hall, D. W., & Byrd, J. (2012). *Forensic botany: a practical guide*. John Wiley & Sons.
- 1.2. Coyle, H. M. (Ed.). (2004). *Forensic botany: principles and applications to criminal casework*. CRC Press.

- 1.3. Elkins, K. M. (2012). *Forensic DNA biology: a laboratory manual*. Academic Press.
- 1.4. Shrivastava, P., Dash, H. R., Lorente, J. A., & Imam, J. (2020). *Forensic DNA Typing: Principles, Applications and Advancements*. Springer Nature.
- 1.5. Ivanov, N. V., Sierro, N. & Peitsch, M. C. (2020). *The Tobacco Plant Genome*. Springer Nature
- 1.6. Butler J.M. (2005), *Forensic DNA Typing Biology, Technology and Genetics of STR Markers*, Second edition, Elsevier Academic Press.
- 1.7. Shrivastava P., Dash H.R., Lorente J.A., Imam J. (2020), *Forensic DNA Typing: Principles, Applications and Advancements*, Springer Nature.

## 2. Zinātniskie raksti

- 2.1. Basset, P., & Castella, V. (2019). Positive impact of DNA contamination minimization procedures taken within the laboratory. *Forensic Science International: Genetics*, 38, 232-235.
- 2.2. Brookes, C., Bright, J. A., Harbison, S., & Buckleton, J. (2012). Characterising stutter in forensic STR multiplexes. *Forensic Science International: Genetics*, 6(1), 58-63.
- 2.3. Coble, M. D., Buckleton, J., Butler, J. M., Egeland, T., Fimmers, R., Gill, P., ... & Prinz, M. (2016). DNA Commission of the International Society for Forensic Genetics: recommendations on the validation of software programs performing biostatistical calculations for forensic genetics applications. *Forensic Science International: Genetics*, 25, 191-197.
- 2.4. Durnal, E. W. (2010). Crime scene investigation (as seen on TV). *Forensic Science International*, 199(1-3), 1-5.
- 2.5. Frippiat, C., Zorbo, S., Leonard, D., Marcotte, A., Chaput, M., Aelbrecht, C., & Noel, F. (2011). Evaluation of novel forensic DNA storage methodologies. *Forensic Science International: Genetics*, 5(5), 386-392.
- 2.6. Gefrides, L. A., Powell, M. C., Donley, M. A., & Kahn, R. (2010). UV irradiation and autoclave treatment for elimination of contaminating DNA from laboratory consumables. *Forensic Science International: Genetics*, 4(2), 89-94.
- 2.7. Linacre, A., Gusmao, L., Hecht, W., Hellmann, A. P., Mayr, W. R., Parson, W., ... & Morling, N. (2011). ISFG: recommendations regarding the use of non-human (animal) DNA in forensic genetic investigations. *Forensic Science International: Genetics*, 5(5), 501-505.
- 2.8. Paranaiba, R. T., Carvalho, C. B., Paiva, R. S., Trindade, B. R., Barros, M. G., Souza, E. P., ... & Silveira, D. (2020). DNA from wood-A simple approach facing a challenging matrix-A preliminary study. *Forensic Science International*, 314, 110371.
- 2.9. Rachmayanti, Y., Leinemann, L., Gailing, O., & Finkeldey, R. (2009). DNA from processed and unprocessed wood: factors influencing the isolation success. *Forensic Science International: Genetics*, 3(3), 185-192.
- 2.10. Cowan, A. F., & Elkins, K. M. (2020). Detection and identification of kratom (*Mitragyna speciosa*) and marijuana (*Cannabis sativa*) by a real-time polymerase chain reaction high-resolution melt duplex assay. *Journal of forensic sciences*, 65(1), 52-60.
- 2.11. Elkins, K. M., Perez, A. C., & Quinn, A. A. (2017). Simultaneous identification of four "legal high" plant species in a multiplex PCR high-resolution melt assay. *Journal of forensic sciences*, 62(3), 593-601.
- 2.12. Solano, J., Anabalón, L., Figueroa, A., & Gangitano, D. (2020). ITS barcoding using high resolution melting analysis of *Cannabis sativa* drug seizures in Chile: A forensic application. *Forensic science international*, 316, 110550.

- 2.13. Johnson, C. E., Premasuthan, A., Satkoski Trask, J., & Kanthaswamy, S. (2013). Species identification of *Cannabis sativa* using real-time quantitative PCR (qPCR). *Journal of forensic sciences*, 58(2), 486-490.
- 2.14. Kikkawa, H. S., Tsuge, K., Kubota, S., Aragane, M., Ohta, H., & Sugita, R. (2017). Species identification of white false hellebore (*Veratrum album* subsp. *oxysepalum*) using real-time PCR. *Forensic science international*, 275, 160-166.
- 2.15. Srivastava, T., Wu, M., Kakhnovich, J., Waithaka, B., & Lents, N. H. (2018). A Three-Locus, PCR-based Method for Forensic Identification of Plant Material. *Journal of forensic sciences*, 63(4), 1252-1260.
- 2.16. Ogata, J., Uchiyama, N., Kikura-Hanajiri, R., & Goda, Y. (2013). DNA sequence analyses of blended herbal products including synthetic cannabinoids as designer drugs. *Forensic science international*, 227(1-3), 33-41.
- 2.17. Hosokawa, K., Shibata, T., Nakamura, I., & Hishida, A. (2004). Discrimination among species of *Papaver* based on the plastid *rpl16* gene and the *rpl16-rpl14* spacer sequence. *Forensic science international*, 139(2-3), 195-199.
- 2.18. Gathier, G., van der Niet, T., Peelen, T., van Vugt, R. R., Eurlings, M. C., & Gravendeel, B. (2013). Forensic identification of CITES protected slimming cactus (*Hoodia*) using DNA barcoding. *Journal of forensic sciences*, 58(6), 1467-1471.
- 2.19. Carrier, C., Cholette, F., Quintero, C., & Fulcher, C. (2013). Potential use of DNA barcoding for the identification of tobacco seized from waterpipes. *Forensic Science International: Genetics*, 7(1), 194-197.
- 2.20. Staginnus, C., Zörntlein, S., & de Meijer, E. (2014). A PCR marker Linked to a THCA synthase Polymorphism is a Reliable Tool to Discriminate Potentially THC-Rich Plants of *Cannabis sativa* L. *Journal of forensic sciences*, 59(4), 919-926.
- 2.21. Wesselink, M., Dragutinović, A., Noordhoek, J. W., Bergwerff, L., & Kuiper, I. (2018). DNA typing of birch: Development of a forensic STR system for *Betula pendula* and *Betula pubescens*. *Forensic Science International: Genetics*, 35, 70-81.
- 2.22. Houston, R., Birck, M., Hughes-Stamm, S., & Gangitano, D. (2017). Developmental and internal validation of a novel 13 loci STR multiplex method for *Cannabis sativa* DNA profiling. *Legal Medicine*, 26, 33-40.
- 2.23. Craft, K. J., Owens, J. D., & Ashley, M. V. (2007). Application of plant DNA markers in forensic botany: genetic comparison of *Quercus* evidence leaves to crime scene trees using microsatellites. *Forensic science international*, 165(1), 64-70.
- 2.24. Lopez-Oceja, A., Gamarra, D., Borragan, S., Jiménez-Moreno, S., & De Pancorbo, M. M. (2016). New *cyt b* gene universal primer set for forensic analysis. *Forensic Science International: Genetics*, 23, 159-165.
- 2.25. Berger, B., Berger, C., Hecht, W., Hellmann, A., Rohleder, U., Schleenbecker, U., & Parson, W. (2014). Validation of two canine STR multiplex-assays following the ISFG recommendations for non-human DNA analysis. *Forensic Science International: Genetics*, 8(1), 90-100.
- 2.26. Berger, B., Berger, C., Heinrich, J., Niederstätter, H., Hecht, W., Hellmann, A., ... & Parson, W. (2018). Dog breed affiliation with a forensically validated canine STR set. *Forensic Science International: Genetics*, 37, 126-134.
- 2.27. Lorenzini, R., Cabras, P., Fanelli, R., & Carboni, G. L. (2011). Wildlife molecular forensics: identification of the Sardinian mouflon using STR profiling and the Bayesian assignment test. *Forensic Science International: Genetics*, 5(4), 345-349.
- 2.28. Biedermann, A., & Taroni, F. (2012). Bayesian networks for evaluating forensic DNA profiling evidence: a review and guide to literature. *Forensic Science International: Genetics*, 6(2), 147-157.
- 2.29. Gill, P., Hicks, T., Butler, J. M., Connolly, E., Gusmão, L., Kokshoorn, B., ... & Taylor, D. (2020). DNA commission of the International society for forensic genetics: Assessing the value of forensic biological evidence-Guidelines

highlighting the importance of propositions. Part II: Evaluation of biological traces considering activity level propositions. *Forensic Science International: Genetics*, 44, 102186.

- 2.30. Berger, B., Heinrich, J., Niederstätter, H., Hecht, W., Morf, N., Hellmann, A., ... & Group, T. C. (2019). Forensic characterization and statistical considerations of the CaDNAP 13-STR panel in 1,184 domestic dogs from Germany, Austria, and Switzerland. *Forensic Science International: Genetics*, 42, 90-98.
- 2.31. Schury, N., Schleenbecker, U., & Hellmann, A. P. (2014). Forensic animal DNA typing: Allele nomenclature and standardization of 14 feline STR markers. *Forensic Science International: Genetics*, 12, 42-59.
- 2.32. Hellmann, A. P., Rohleder, U., Eichmann, C., Pfeiffer, I., Parson, W., & Schleenbecker, U. (2006). A proposal for standardization in forensic canine DNA typing: allele nomenclature of six canine-specific STR loci. *Journal of forensic sciences*, 51(2), 274-281.
- 2.33. Koopman, W. J., Kuiper, I., Klein-Geltink, D. J., Sabatino, G. J., & Smulders, M. J. (2012). Botanical DNA evidence in criminal cases: Knotgrass (*Polygonum aviculare* L.) as a model species. *Forensic Science International: Genetics*, 6(3), 366-374.
- 2.34. Pereira, F., Carneiro, J., Matthiesen, R., van Asch, B., Pinto, N., Gusmao, L., & Amorim, A. (2010). Identification of species by multiplex analysis of variable-length sequences. *Nucleic acids research*, 38(22), e203-e203.
- 2.35. Tobe, S. S., & Linacre, A. M. (2008). A multiplex assay to identify 18 European mammal species from mixtures using the mitochondrial cytochrome b gene. *Electrophoresis*, 29(2), 340-347.
- 2.36. Parson, W., Gusmao, L., Hares, D. R., Irwin, J. A., Mayr, W. R., Morling, N., ... & Parsons, T. J. (2014). DNA Commission of the International Society for Forensic Genetics: revised and extended guidelines for mitochondrial DNA typing. *Forensic Science International: Genetics*, 13, 134-142.
- 2.37. Dawnay, N., Ogden, R., Thorpe, R. S., Pope, L. C., Dawson, D. A., & McEwing, R. (2008). A forensic STR profiling system for the Eurasian badger: a framework for developing profiling systems for wildlife species. *Forensic Science International: Genetics*, 2(1), 47-53.
- 2.38. Gill, P., Sparkes, R., & Kimpton, C. (1997). Development of guidelines to designate alleles using an STR multiplex system. *Forensic Science International*, 89(3), 185-197.
- 2.39. Johnson, R. N., Wilson-Wilde, L., & Linacre, A. (2014). Current and future directions of DNA in wildlife forensic science. *Forensic Science International: Genetics*, 10, 1-11.
- 2.40. Vigilant, L. (1999). An evaluation of techniques for the extraction and amplification of DNA from naturally shed hairs. *Biological Chemistry*, 380, 1329-1331.

### **3. Iekārtu un reaģentu lietošanas instrukcijas**

- 3.1. DNS izdalīšanas komplekta rokasgrāmata
- 3.2. Gatavo PĶR maisījumu komplekta rokasgrāmata
- 3.3. PĶR reaģentu rokasgrāmata
- 3.4. Multiplēksās PĶR gatavā maisījuma rokasgrāmata
- 3.5. SYBR Green kvantitatīvās PĶR gatavā maisījuma rokasgrāmata
- 3.6. Kvantitatīvā PĶR gatavā maisījuma rokasgrāmata darbam ar zondēm
- 3.7. Reālā laika HRM PĶR gatavā maisījuma rokasgrāmata

### **4. Datubāzes**

- 4.1. [http://www.boldsystems.org/index.php/IDS\\_OpenIdEngine](http://www.boldsystems.org/index.php/IDS_OpenIdEngine)
- 4.2. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/refseq/targetedloci/>



- 4.3. <http://www.ensembl.org/index.html>
- 4.4. [APST Molecular Marker Collection 2018](#)

## 5. Programmas un tiešsaistes rīki

- 5.1. Sekvenču un fragmentu garuma analīzes programmas
- 5.2. [https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PROGRAM=blastn&PAGE\\_TYPE=BlastSearch&LINK\\_LOC=blasthome](https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PROGRAM=blastn&PAGE_TYPE=BlastSearch&LINK_LOC=blasthome)
- 5.3. [https://www.ncbi.nlm.nih.gov/tools/primer-blast/index.cgi?LINK\\_LOC=BlastHome](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/tools/primer-blast/index.cgi?LINK_LOC=BlastHome)
- 5.4. <http://www.restrictionmapper.org/>
- 5.5. <https://www.mfeprimer.com/>

## 6. Labas prakses vadlīnijas

- 6.1. [https://enfsi.eu/wp-content/uploads/2016/09/8\\_application\\_of\\_molecular\\_methods\\_for\\_the\\_forensic\\_examination\\_of\\_non-human\\_biological\\_traces\\_0.pdf](https://enfsi.eu/wp-content/uploads/2016/09/8_application_of_molecular_methods_for_the_forensic_examination_of_non-human_biological_traces_0.pdf)
- 6.2. [https://enfsi.eu/wp-content/uploads/2016/09/7\\_dna\\_pattern\\_recognition\\_and\\_comparison\\_0.pdf](https://enfsi.eu/wp-content/uploads/2016/09/7_dna_pattern_recognition_and_comparison_0.pdf)
- 6.3. <https://enfsi.eu/wp-content/uploads/2017/09/DNA-contamination-prevention-guidelines-v2.pdf>
- 6.4. <https://enfsi.eu/wp-content/uploads/2017/09/DNA-databasemanagement-review-and-recommendations-april-2017.pdf>
- 6.5. [https://enfsi.eu/wp-content/uploads/2016/09/minimum\\_validation\\_guidelines\\_in\\_dna\\_profiling\\_-\\_v2010\\_0.pdf](https://enfsi.eu/wp-content/uploads/2016/09/minimum_validation_guidelines_in_dna_profiling_-_v2010_0.pdf)

Tiesu ekspertu padomes priekšsēdētāja



M. Čentoricka

Apstiprināta  
Tiesu ekspertu padomes  
2022.gada 4.marta sēdē  
Protokols Nr.9.