ФЕДЕРАЛЬНОЕ АГЕНТСТВО

ПО ТЕХНИЧЕСКОМУ РЕГУЛИРОВАНИЮ И МЕТРОЛОГИИ

НАЦИОНАЛЬНЫЙ СТАНДАРТ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ

ГОСТ Р ИСО/МЭК 19794-14— 2017

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)

Издание официальное

Москва
Стандартинформ
2017

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) и федеральным государственным унитарным предприятием «Всероссийский научно-исследовательский институт стандартизации и сертификации в машиностроении» (ВНИИНМАШ) на основе собственного перевода на русский язык англоязычной версии 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 9 июня 2017 г. № 528-ст

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», IDT).

Международный стандарт разработан подкомитетом ИСО/МЭК СТК 1/ПК 37 «Биометрия» совместного технического комитета по стандартизации ИСО/МЭК СТК 1 «Информационные технологии» Международной организации по стандартизации (ИСО) и Международной электротехнической комиссии (МЭК).

Наименование настоящего стандарта изменено относительно наименования указанного международного стандарта для приведения в соответствие с ГОСТ Р 1.5—2012 (пункт 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 Некоторые элементы настоящего стандарта могут быть объектами патентных прав. ИСО и МЭК не несут ответственности за установление подлинности каких-либо или всех таких патентных прав

6 ВВЕДЕН ВПЕРВЫЕ

Правила применения настоящего стандарта установлены в статье 26 Федерального закона от 29 июня 2015 г. № 162-ФЗ «О стандартизации в Российской Федерации». 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 (www.gost.ru)

© Стандартинформ, 2017

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 1
2 Соответствие 1
3 Нормативные ссылки 1
4 Термины и определения 2
5 Сокращения 3
6 Структура формата записи данных ДНК 3
6.1 Общие положения 3
6.2 Соглашения в отношении данных 4
6.3 Заголовок ЕСФОБД (CBEFF header) 4
6.4 Структура записи данных ДНК 5
Приложение А (обязательное) Методология испытаний на соответствие 21
Приложение В (обязательное) XML-схема данных ДНК 22
Приложение С (обязательное) Идентификаторы наборов реагентов 31
Приложение D (обязательное) Локусы ДНК 35
Приложение ДА (справочное) Сведения о соответствии ссылочных международных стандартов национальным стандартам 39

Введение

За последние 20 лет судебная молекулярная генетика из быстро развивающейся области знаний с меняющимися технологиями развилась в 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 т. ч. жертв массовых бедствий, иммиграция, установление отцовства.

Целью настоящего стандарта является определение формата для обмена идентификационными данными ДНК человека. Настоящий стандарт определяет атрибуты ДНК и формат записи для обмена данными ДНК, а также включает в себя пример записи данных ДНК.

Настоящий стандарт основан на данных ДНК, получаемых стандартизованными и наиболее часто используемыми методами судебно-медицинского ДНК-типирования, например КТП[1)]-анализ.

Настоящий формат обмена данными ДНК 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 стандарта, перечислены в качестве ссылок.

Типовые системы профилирования используют некодируемые участки ДНК («мусорная ДНК»). Кодируемые участки ДНК были целенаправленно исключены для обеспечения конфиденциальности и соблюдения гражданских прав донора. Тем не менее, национальное законодательство о защите персональных данных может определять особые гарантии безопасности, такие как шифрование передаваемых данных и/или хранимых данных и другие методы.

[1)] КТП — короткий тандемный повтор (Short tandem repeat (STR)).

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 — 2018—12—01

1 Область применения

Настоящий стандарт устанавливает формат обмена данными ДНК для технологий идентификации или верификации личности.

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 обмена биометрическими данными, соответствующему настоящему стандарту.

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

Настоящий формат данных подготовлен с учетом тенденции по сокращению участия человека в анализе (регистрации и сравнении) 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). Пример XML-схемы данных ДНК представлен в приложении В.

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

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 следующие ссылочные международные стандарты. Для датированных ссылок применяют только указанное издание ссылочного стандарта.

Издание официальное

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

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

4 Термины и определения

В настоящем стандарте применены термины по ИСО/МЭК 19794-1:2011, а также следующие термины с соответствующими определениями:

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 индивидов[1)] 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 индивидов.

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): Мобильная, полностью функциональная лаборатория ДНК.

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

[1)] В биометрии термин «индивид» относится только к человеку.

5 Сокращения

В настоящем стандарте применены следующие сокращения:
ДНК — дезоксирибонуклеиновая кислота;
мтДНК — митохондриальная ДНК;
КТП — короткий тандемный повтор;
Y-КТП — КТП Y-хромосомы.

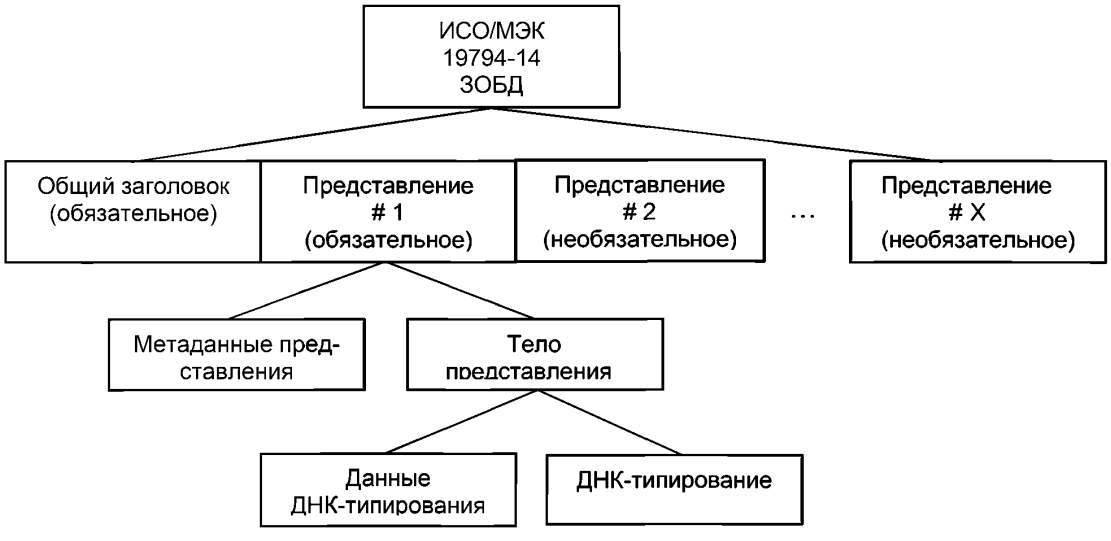
6 Структура формата записи данных ДНК

6.1 Общие положения

Настоящий стандарт определяет структуру записи данных ДНК. Формат данных должен содержать идентификационные данные ДНК. В соответствии с требованиями ИСО/МЭК 19794-1, запись данных ДНК должна быть определена как ЗОБД[1]) или включена в ББД[2]) структуры, совместимой с ЕСФОБД (ЗБИ[3]).

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 формата записи данных ДНК и порядок расположения блоков и полей записи данных ДНК представлен на рисунке 1.

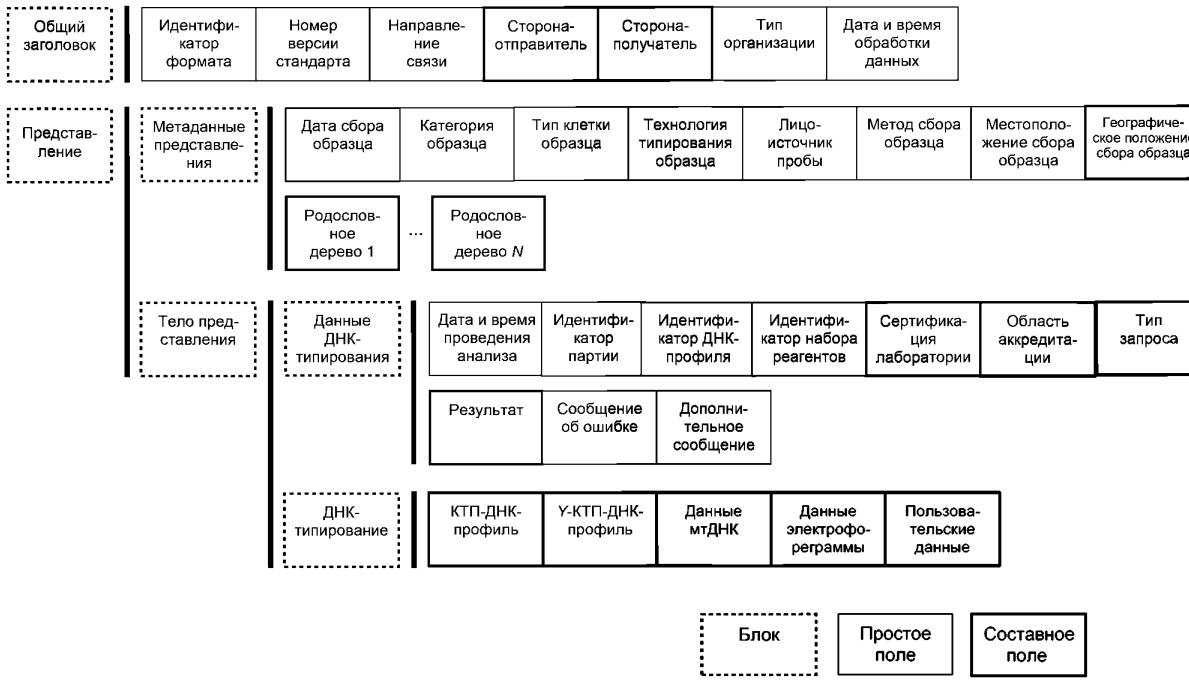


(а)

Рисунок 1 — Структура формата записи данных ДНК (а) и порядок расположения блоков и полей записи данных ДНК (б)

---

1) ЗОБД — Запись для обмена биометрическими данными.
2) ББД — Блок биометрических данных.
3) ЗБИ — Запись биометрической информации.



(б)

Рисунок 1, лист 2

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 рассмотрена 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)).

6.3 Заголовок ЕСФОБД (CBEFF header)

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

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

- в формате ведущей организации ЕСФОБД должны быть определены элементы «CBEFF_BDB_format_owner» (владелец формата ББД ЕСФОБД) и «CBEFF_BDB_format_type» (тип формата ББД ЕСФОБД) как обязательные элементы заголовка ЕСФОБД;
- значение элемента «CBEFF_BDB_format_owner» (владелец формата ББД ЕСФОБД) должно определять идентификатор организации-участника ЕСФОБД (CBEFF biometric organization identifier), присвоенный регистрационным органом ЕСФОБД для ИСО/МЭК СТК 1/ПК 37. Значение элемента должно быть 0x0101 (16 бит);
- значение элемента «CBEFF_BDB_format_type» (тип формата ББД ЕСФОБД) должно определять идентификатор типа формата ББД ЕСФОБД, присвоенный ИСО/МЭК СТК 1/ПК 37 для формата записи данных ДНК. Значение элемента должно быть 0x0008 (16 бит);
- полная информация, необходимая для кодирования заголовка ЕСФОБД (CBEFF header), приведена в ИСОМЭК 19794-1.

6.4 Структура записи данных ДНК

6.4.1 Структура блока «Общий заголовок»

Блок «Общий заголовок» записи данных ДНК состоит из 7 полей (таблица 1). Структура блока «Общий заголовок представлена в таблице 1. Поля, перечисленные в первом столбце таблицы 1, рассмотрены более подробно в 6.4.1.1—6.4.1.7.

Таблица 1 — Структура блока «Общий заголовок»

Поле	Тип данных	Допустимое значение	Обязательное/ необязательное
Идентификатор формата (Format identifier)	string[1)]	«DNA»	Обязательное
Номер версии стандарта (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[2)]	—	Обязательное

6.4.1.1 Поле «Идентификатор формата»

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

6.4.1.2 Поле «Номер версии стандарта»

Поле «Номер версии стандарта» должно содержать 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.

6.4.1.3 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»

6.4.1.4 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). Поле «Сторона-отправитель» является составным.

---

1) string — строковый тип данных, значениями которого является произвольная последовательность (строка) символов алфавита.

2) dateTime — тип данных XML, значениями которого является время в виде календарной даты и времени.

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	Ф.И.О отправителя/получателя

6.4.1.5 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). Поле «Сторона-получатель» является составным.

6.4.1.6 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».

6.4.1.7 Поле «Дата и время обработки данных»

В данном поле должны быть представлены дата и время обмена биометрическими 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 биометрических данных. Поле должно иметь встроенный в XML тип данных dateTime.

6.4.2 Блок «Метаданные представления» (Representation metadata)

Для каждого профиля должно быть блок «Представление» (Representation), который состоит из блока «Метаданные представления» и блока «Тело представления» (Representation body). В блоке «Метаданные представления» представлены метаданные о данных обмена. Структура блока «Метаданные представления» представлена в таблице 4.

Таблица 4 — Структура блока «Метаданные представления»

Поле	Тип данных	Допустимое значение	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

6.4.2.1 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».

6.4.2.2 Поле «Категория образца»

Поле «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 в различных правовых системах (например, detainee (задержанное лицо), arrestee (арестованное лицо), convicted offender (осужденное лицо)).

6.4.2.3 Поле «Тип клетки образца»

Поле «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)

6.4.2.4 Поле «Технология типирования образца»

Поле «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)

6.4.2.5 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»[1)]

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

[1)] В ИСО/МЭК 19794-14:2013 допущена опечатка — указано название таблицы 8 «Sample source indicator» вместо «Specimen conductor».

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.

6.4.2.6 Поле «Метод сбора образца»

Поле «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.

6.4.2.7 Поле «Местоположение сбора образца»

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

6.4.2.8 Поле «Географическое положение сбора образца»

Поле «Географическое положение сбора образца» должно содержать значения GPS-координат 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). Поле «Географическое положение сбора образца» является составным, структура данного поля представлена в таблице 9.

Таблица 9 — Структура поля «Географическое положение сбора образца» (тип данных — GeoLocationType)

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

6.4.2.9 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. Поле «Родословное дерево» является составным.

Таблица 10 — Поле «Родословное дерево»

Поле	Тип данных	Допустимое значение	Примечание
Родословное дерево 1 (Pedigree Tree 1) ... Родословное дерево *n* (Pedigree Tree *n*)	PdgrTreeType	—	Повторяется число раз, равное числу родословных деревьев

Таблица 11 — Поле «Родословное дерево» (тип данных — PdgrTreeType)

Поле	Тип данных	Допустимое значение	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*)	PdgrMbrType	—	Повторяется число раз, равное числу членов родословного дерева

Таблица 12 — Поле «Член родословного дерева» (тип данных — PdgrMbrType)

Поле	Тип данных	Допустимое значение	Примечание
Идентификатор члена родословного дерева (Pedigree member ID)	integer	—	Уникальный идентификатор родословного дерева в формате целого числа
Идентификатор образца (Specimen ID)	string	Длина ≤ 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
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

6.4.3 Блок «Тело представления»

6.4.3.1 Блок «Данные ДНК-типирования»

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

Таблица 13 — Структура блока «Данные ДНК-типирования»

Поле	Тип данных	Допустимое значение	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
Область аккредитации (Scope of accreditation)	SOAType	—	Обязательное
Тип запроса (Request type)	string	—	Обязательное, если значение в поле «Направление связи» равно «R» (Request, запрос). Иначе — необязательное
Результат (Result)	string	—	Обязательное, если значение в поле «Направление связи» равно «R» (Request, запрос). Иначе — необязательное
Сообщение об ошибке (Error message)	string	—	Необязательное

Окончание таблицы 13

Поле	Тип данных	Допустимое значение	Обязательное/ необязательное
Дополнительное сообщение (Supplementary message)	string	—	Необязательное

6.4.3.1.1 Поле «Дата и время проведения анализа»

В поле «Дата и время проведения анализа» 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).

6.4.3.1.2 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 «Unknown» (Неизвестно).

6.4.3.1.3 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.

6.4.3.1.4 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 «Unknown» (Неизвестно).

6.4.3.1.5 Поле «Сертификация лаборатории»

Поле «Сертификация лаборатории» должно определять статус качества лаборатории. Поле «Сертификация лаборатории» является составным. Структура поля «Сертификация лаборатории» представлена в таблице 14. Допустимые значения поля «Сертификация лаборатории» представлены в таблице 15. Лаборатория может иметь несколько валидаций (сертификаций)[1].

Таблица 14 — Структура поля «Сертификация лаборатории» (тип данных — LabCertType)

Поле	Тип данных	Допустимое значение	Примечание
Сертификация лаборатории (LabCertification)	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[2])
«AABB certification» (Сертификация AABB[3])
«ISO/ILAC Guidance[4] 19 accreditation» (Аккредитация по руководству ИСО/ИЛАК[5] 19)

[1] В ИСО/МЭК 19794-14:2013 допущена опечатка — предложение «Лаборатория может иметь несколько валидаций (сертификаций)» продублировано.

[2] GLP — Good Laboratory Practice (Надлежащая лабораторная практика).

[3] AABB — American Association of Blood Banks (Американская ассоциация банков крови).

[4] В ИСО/МЭК 19794-14:2013 допущена опечатка — указано «Guild 19» вместо «Guidance 19» или «G-19».

[5] ILAC (ИЛАК) — Международное сотрудничество по аккредитации лабораторий (International Laboratory Accreditation Cooperation).

Окончание таблицы 15

Значение
«Unknown» (Неизвестно)
«Unspecified» (Не определено)

6.4.3.1.6 Поле «Область аккредитации»

Поле «Область аккредитации» должно определять область сертификации лаборатории, которая обрабатывает ДНК. Поле «Область аккредитации» является составным. Структура поля «Область аккредитации» представлена в таблице 16. Допустимые значения поля «Область аккредитации» представлены в таблице 17. Допускается указывать более одной области сертификации.

Таблица 16 — Структура поля «Область аккредитации» (тип данных — SOAType)

Поле	Тип данных	Допустимое значение	Примечание
Область аккредитации (ScopeOfAccreditation)	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» более одного значения, чтобы представить полный сертификационный статус лаборатории.

6.4.3.1.7 Поле «Тип запроса»[1)]

Поле «Тип запроса» 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»

Поле	Тип данных	Допустимое значение	Примечание
Значение типа запроса (RequestValue)	RequestValue	—	См. таблицу 17
Пользовательские данные (UserDefined)	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)

1) В ИСО/МЭК 19794-14:2013 допущена опечатка — указано поле «Request» вместо поля «Request type».

6.4.3.1.8 Поле «Результат»

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 совпадения называются результатом сравнения. Результат может быть записан, только если в поле «Направление связи» записано значение «А» (Answer, ответ). Поле «Результат» должно иметь тип данных string. Поле «Результат» является составным. Структура поля «Результат» представлена в таблице 20.

Таблица 20 — Структура поля «Результат»

Поле	Тип данных	Допустимое значение	Примечание
Значение результата (ResultValue)	ResultValue	—	См. таблицу 21
Пользовательские данные ответа (HitUserDefined)	UserDefinedType	—	См. таблицу 44
Пользовательские данные (UserDefined)	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)

6.4.3.1.9 Поле «Сообщение об ошибке»

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.

6.4.3.1.10 Поле «Дополнительное сообщение»

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

6.4.3.2 Блок «ДНК-типирование» (DNA typing)

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

Таблица 22 — Структура блока «ДНК-типирование»

Поле	Тип данных	Допустимое значение	Обязательное/необязательное
КТП-ДНК-профиль (STR DNA profile)	LocusType	—	Обязательное, если значение в поле «Технология типирования образца» равно «STR». Иначе — необязательное
Y-КТП-ДНК-профиль (Y-STR DNA profile)	LocusType	—	Обязательное, если значение в поле «Технология типирования образца» равно «Y-STR». Иначе — необязательное
Данные митохондриальной ДНК (Mitocondrial DNA data)	mtDNAType	—	Обязательное, если значение в поле «Технология типирования образца» равно «mtDNA». Иначе — необязательное
Данные электрофореграммы (Electropherogram data)	EPGType	—	Обязательное, если значение в поле «Технология типирования образца» равно «Electropherogram». Иначе — необязательное
Пользовательские данные (User defined)	Vendor-SpecificDataType	—	Необязательное

6.4.3.2.1 Поле «КТП-ДНК-профиль»

Поле «КТП-ДНК-профиль» является составным, должно иметь тип данных LocusType. Тип данных LocusType включает поле «Информация о локусе». Структура поля «КТП-ДНК-профиль» представлена в таблице 23.

Таблица 23 — Стурктура поля «КТП-ДНК-профиль» (тип данных — LocusType)

Поле	Тип данных	Допустимое значение	Примечание
Информация о локусе (Locus information)	LocusInfoType	—	Повторяется число раз, равное числу локусов. См. таблицу 24

Поле «Информация о локусе» является составным, должно иметь тип данных LocusInfoType и состоять из полей «Заголовок локуса» (Locus header) и «Идентификация аллели» (Allele call). Структура поля «Информация о локусе» представлена в таблице 24.

Таблица 24 — Структура поля «Информация о локусе» (тип данных — LocusInfoType)

Поле	Тип данных	Допустимое значение	Примечание
Заголовок локуса	LocusHeaderType	—	См. таблицу 25
Идентификация аллели	AlleleCallType	—	Повторяется число раз, равное числу идентификаций аллелей. См. таблицу 26

Поле «Заголовок локуса» является составным, должно иметь тип данных LocusHeaderType и состоять из полей «Название маркера локуса» (Name of locus marker) и «Статус» (Status). Структура поля «Заголовок локуса» представлена в таблице 25.

Таблица 25 — Структура поля «Заголовок локуса» (тип данных — LocusHeaderType)

Поле	Тип данных	Допустимое значение	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 «SilentAllele» (Пустая аллель) обозначает, что аллель не обнаружена.

Статус «NotDetermined» (Не определено) обозначает, что не удалось точно идентифицировать аллель.

Статус «NotAnalysed» (Не анализировано) обозначает, что локус не был анализирован.

Поле «Идентификация аллели» является составным, должно иметь тип данных AlleleCallType и состоять из поля «Оператор» (Operator) и полей «Число идентификации аллели» (Allele call number). Структура поля «Идентификация аллели» представлена в таблице 26.

Таблица 26 — Структура поля «Идентификация аллели» (тип данных — AlleleCallType)

Поле	Тип данных	Допустимое значение	Примечание
Оператор	string	«Equal» (Равно), «LowerLimit» (Нижний предел), «UpperLimit» (Верхний предел), «Range» (Диапазон)	—

Окончание таблицы 26

Поле	Тип данных	Допустимое значение	Примечание
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»

Названия маркеров локусов приведены в приложении D.

6.4.3.2.2 Поле «Y-КТП-ДНК-профиль»

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

6.4.3.2.3 Поле «Данные митохондриальной ДНК»

Несмотря на полностью завершенное 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 участка (даже при наличии HV3), чтобы обеспечить включение любых вставок / делеций / С-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.

Поле «Данные митохондриальной ДНК» является составным. Структура поля «Данные митохондриальной ДНК» представлена в таблице 27.

Таблица 27 — Структура поля «Данные митохондриальной ДНК» (тип данных — 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 IUPAC[1)] для исследований типов нуклеотидов ДНК. Допустимый алфавит для последовательности включает символы «A», «T», «C», «G» и многозначные коды IUPAC. Символ «U» не представлен в таблице 28, но часто используется для обозначения химического расщепления «C». Любой участок, который не имеет значения, должен быть установлен в нуль (0).

Таблица 28 — Значения символов, установленные IUPAC

Значение IUPAC	Определение
G	Гуанин (Guanine)
A	Аденин (Adenine)
T	Тимин (Thymine)
C	Цитозин (Cytosine)
R	G, A

[1)] ИЮПАК — Международный союз теоретической и прикладной химии (IUPAC, International Union of Pure and Applied Chemistry).

Окончание таблицы 28

Значение IUPAC	Определение
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

6.4.3.2.4 Поле «Данные электрофореграммы»

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.

Поле «Данные электрофореграммы» является составным. Структура поля «Данные электрофореграммы» представлена в таблице 29.

Таблица 29 — Структура поля «Данные электрофореграммы» (тип данных — ElectropherogramType)

Поле	Тип данных	Допустимое значение	Примечание
Данные электрофореграммы	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

Для электрофореграммы должны быть включены следующие необработанные данные (таблица 30):

- данные времени и интенсивности флуоресценции (time and fluorescence strength data);
- данные времени и соответствующих значений пар оснований (time and base pair correspondence data);
- данные панели (panel data);
- бинарные данные (bin data).

Таблица 30 — Структура поля «Данные электрофореграммы» (тип данных — EPGType)

Поле	Тип данных	Допустимое значение	Примечание
Данные времени и интенсивности флуоресценции	TFSDType	—	См. таблицу 31
Данные времени и соответствующих значений пар оснований	TBPCType	—	См. таблицу 34
Данные панели	PanelType	—	См. таблицу 36
Бинарные данные	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» содержится значение высоты пика обнаружения флуоресценции и времени (таблицы 31—33). Поле «Данные времени и интенсивности флуоресценции» является составным. Структура поля «Данные времени и интенсивности флуоресценции» представлена в таблице 31.

Таблица 31 — Структура поля «Данные времени и интенсивности флуоресценции» (тип данных — TFSDType)

Поле	Тип данных	Допустимое значение	Примечание
Название дорожки (Run name)	string	—	—
Наименование файла образца (Sample file name)	string	—	—
Данные красителей электрофореграммы (Electropherogram dye data)	Electropherogram-DyeDataType	—	См. таблицу 32
Данные времени 1 электрофореграммы (Electropherogram time data 1) ... Данные времени *n* электрофореграммы (Electropherogram time data *n*)	Electropherogram-TimeDataType	—	Повторяется число раз, равное числу временных данных. См. таблицу 33

Таблица 32 — Структура поля «Данные красителей флуоресценции» (тип данных — ElectropherogramDyeDataType)

Поле	Тип данных	Допустимое значение	Примечание
Наименование красителя 1 (Dye name 1) ... Наименование красителя *n* (Dye name *n*)	string	—	Наименование цвета красителя. Повторяется число раз, равное числу красителей

Таблица 33 — Структура поля «Данные времени электрофореграммы» (тип данных — ElectropherogramTimeDataType)

Поле	Тип данных	Допустимое значение	Примечание
Время на дорожке (Time in the run)	integer	—	—
Интенсивность флуоресценции для красителя 1 (Fluorescence strength for dye 1) ... Интенсивность флуоресценции для красителя *n* (Fluorescence strength for dye *n*)	float	—	Повторяется число раз, равное числу красителей

Значения поля «Данные времени и соответствующих значений пар оснований», 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» являются результатом этого расчета, который содержит время и соответствующее значение пар оснований (таблицы 34—35).

Таблица 34 — Структура поля «Данные времени и соответствующих значений пар оснований» (тип данных — TBPCType)

Поле	Тип данных	Допустимое значение	Примечание
Название дорожки	string	—	—
Наименование файла образца	string	—	—
Данные соответствия 1 (Correspondence data 1) … Данные соответствия *n* (Correspondence data *n*)	Correspondence-DataType	—	Повторяется число раз, равное числу соответствий. См. таблицу 35

Таблица 35 — Структура поля «Данные соответствия» (тип данных — CorrespondenceDataType)

Поле	Тип данных	Допустимое значение	Примечание
Время на дорожке	integer	—	—
Длина пар оснований (Base pair size)	float	—	—

Информация о проверке локусов включает данные полей «Данные панели» и «Бинарные данные».

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 — Структура поля «Данные панели» (тип данных — PanelType)

Поле	Тип данных	Допустимое значение	Примечание
Наименование набора праймеров (Primer set name)	string	—	—
Данные аллели 1 панели (Panel allele data 1) … Данные аллели n панели (Panel allele data *n*)	EPanelAllele-DataType	—	Повторяется число раз, равное числу аллелей. См. таблицу 37

Таблица 37 — Структура поля «Данные аллели панели» (тип данных — PanelAlleleDataType)

Поле	Тип данных	Допустимое значение	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 — Структура поля «Бинарные данные» (тип данных — BinType)

Поле	Тип данных	Допустимое значение	Примечание
Наименование набора праймеров	string	—	—
Бинарные данные локуса 1 (Bin locus data 1) ... Бинарные данные локуса *n* (Bin locus data *n*)	BinLocus-DataType	—	Повторяется число раз, равное числу бинарных данных локуса. См. таблицу 39

Таблица 39 — Структура поля «Бинарные данные локуса» (тип данных — BinLocusDataType)

Поле	Тип данных	Допустимое значение	Примечание
Название локуса	string	—	Название локуса, например, «D8S1179»
Бинарные данные идентификации 1 (Bin call data 1) ... Бинарные данные идентификации *n* (Bin call data *n*)	BinCallData-Type	—	Повторяется число раз, равное числу бинарных данных идентификации. См. таблицу 40

Таблица 40 — Структура поля «Бинарные данные идентификации» (тип данных — BinCallDataType)

Поле	Тип данных	Допустимое значение	Примечание
Идентификация аллели	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
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 времени и интенсивности флуоресценции (таблица 41).

Таблица 41 — Структура поля «Данные референсной электрофореграммы» (тип данных — EPGRefType)

Поле	Тип данных	Допустимое значение	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 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» и «Тип нуклеотида» (таблица 43).

Таблица 42 — Структура поля «Электрофоретические данные митохондриальной последовательности» (тип данных — EPGmitoType)

Поле	Тип данных	Допустимое значение	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-AssignType	—	Повторяется число раз, равное числу типов нуклеотидов IUPAC. См. таблицу 43

Таблица 43 — Структура поля «Назначение красителя для нуклеотида» (тип данных — DyeBaseAssignType)

Поле	Тип данных	Допустимое значение	Примечание
Название красителя	string	—	—
Тип нуклеотида	string	Значение IUPAC	См. таблицу 27

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

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

Таблица 44 — Структура поля «Пользовательские данные ДНК»

Поле	Тип данных	Допустимое значение	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 ДНК сопровождается метаданными, содержащимися в заголовке записи. Настоящее приложение определяет порядок проведения испытаний для проверки корректности записи.

Цель настоящего стандарта не может быть в полной мере достигнута до тех пор, пока биометрические продукты не пройдут испытания на соответствие требованиям настоящего стандарта. Соответствие реализации требованиям 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 (Изменения), дополняющего настоящий стандарт.

Приложение В
(обязательное)

XML-схема данных ДНК

Настоящее приложение содержит пример XML-схемы данных ДНК, который адаптирован и синхронизирован 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>
        Настоящим, любому лицу предоставляется бессрочное разрешение на бесплатное использование, копирование, изменение, объединение, опубликование и распространение копий схемы для разработки, внедрения, установки и использования программного обеспечения, разработанного с применением данной схемы при соблюдении следующих условий: Схема предоставляется на условиях «как есть», без какой-либо гарантии, явной или подразумеваемой, включая все без исключения подразумеваемые гарантии товарности или пригодности для какой-либо определенной цели. Ни при каких обстоятельствах авторы и владельцы авторского права не несут ответственности за какие-либо претензии, убытки и другие обязательства, возникшие вследствие выполнения обязательств по договору, неосторожности или гражданского правонарушения или других причин, возникших в результате или вследствие использования, или функционирования данной схемы.
        </xs:documentation>
    </xs:annotation>
    <xs:annotation>
        <xs:documentation>Данная XML-схема содержит все типы определений (сложные и простые), которые используются при обмене данных ДНК</xs:documentation>
        <xs:documentation>Статус: 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: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" minOccurs="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="Electrophero-
               gramDyeDataType" 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="Electrophero-
                gramTimeDataType" 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: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="CorrespondenceData-
                Type" minOccurs="0" maxOccurs="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" minOccurs="0"/>
            <xs:element name="MinAlleleSize" type="xs:float" minOccurs="0"/>
            <xs:element name="MaxAlleleSize" type="xs:float" minOccurs="0"/>
            <xs:element name="NoiseRatio" type="xs:float" minOccurs="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" maxOccurs="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"  minOc-
               curs="0" maxOccurs="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"  minOc-
               curs="0" maxOccurs="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"  minOc-
       curs="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: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: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: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: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" maxOc-
               curs="unbounded"/>
               </xs:sequence>
           </xs:complexType>
       </xs:element>
    </xs:sequence>
</xs:complexType>
    <xs:complexType name="PedigreeTreeType">
        <xs:sequence>
       <xs:element name="Pedigree" type="PedigreeType" maxOccurs="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" maxOccurs="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: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:elementname="Representation"type="DnaRepresentationType"
              maxOccurs="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[1])[2]	Изготовитель	Описание набора реагентов
Profiler	Applied Biosystems	AmpFlSTR® Profiler® (Артикул 403038)
Profiler Plus	Applied Biosystems	AmpFlSTR® Profiler Plus® (Артикул 4303326)
COfiler	Applied Biosystems	AmpFlSTR® COfiler® (Артикул 4305246)
Profiler Plus and COfiler	Applied Biosystems	AmpFlSTR® Profiler Plus® and COfiler® (Артикул 4305979)
Profiler Plus ID	Applied Biosystems	AmpFlSTR® Profiler Plus® ID (Артикул 4330284)
Profiler Plus ID and COfiler	Applied Biosystems	AmpFlSTR® Profiler Plus® ID and COfiler® (Артикул 4330621)
SGM Plus	Applied Biosystems	AmpFlSTR® SGM Plus® (Артикул 4307133)
Identifiler	Applied Biosystems	AmpFlSTR® Identifiler® (Артикул 4322288)
Identifiler Direct	Applied Biosystems	AmpFlSTR® Identifiler® Direct PCR Amplification Kit (Артикул 4408580)
Identifiler Plus	Applied Biosystems	AmpFlSTR® Identifiler® Plus PCR Amplification Kit (Артикул 4427368)
MiniFiler	Applied Biosystems	AmpFlSTR® MiniFiler™ PCR Amplification Kit (Артикул 4373872)
NGM	Applied Biosystems	AmpFlSTR® NGM™ PCR Amplification Kit (Артикулы 4415021 / 4415020)
NGM SElect	Applied Biosystems	AmpFlSTR® NGM SElect™ PCR Amplification Kit (Артикулы 4457890 / 4457889)
SEfiler Plus	Applied Biosystems	AmpFlSTR® SEfiler Plus™ PCR Amplification Kit (Артикул 4382699)
Yfiler	Promega	AmpFlSTR® Yfiler® PCR Amplification Kit (Артикул 4359513)
PowerPlex 1.1	Promega	PowerPlex® 1.1 (Номера по каталогу DC6091 / 6090)
PowerPlex 1.2	Promega	PowerPlex® 1.2 (Номера по каталогу DC6100 /6101)

[1] ПЦР — полимеразная цепная реакция (Polymerase chain reaction, PCR).

[2] 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
PowerPlex 1.1 и PowerPlex 1.2[1)]	Promega	PowerPlex® 1.1 и PowerPlex® 1.2 (Номера по каталогу DC6501 / DC6500)
PowerPlex 2.1	Promega	PowerPlex® 2.1 (Номера по каталогу DC 6471 / 6470)
PowerPlex 16	Promega	PowerPlex® 16 (Номера по каталогу DC 6531 / 6530)
PowerPlex 16 BIO	Promega	PowerPlex® 16 BIO (Номера по каталогу DC 6541 / 6540)
PowerPlex 16 HS	Promega	PowerPlex® 16 HS System (Номера по каталогу DC2101 / DC2100)
PowerPlex 18D	Promega	PowerPlex® 18D System (Номера по каталогу DC 1802 / 1808)
PowerPlex CS7	Promega	PowerPlex® CS7 System, Custom (Номер по каталогу X6613)
PowerPlex ES	Promega	PowerPlex® ES System (Номера по каталогу DC6731 / DC6730)
PowerPlex ESX 16	Promega	PowerPlex® ESX 16 System (Номера по каталогу DC6711 / DC6710)
PowerPlex ESI 16	Promega	PowerPlex® ESI 16 System (Номера по каталогу DC6771 / DC6770)
PowerPlex ESX 17	Promega	PowerPlex® ESX 17 System (Номера по каталогу DC6721 / DC6720)
PowerPlex ESI 17	Promega	PowerPlex® ESI 17 System (Номера по каталогу DC6781 / DC6780)
PowerPlex ESX 16 и PowerPlex ESI 16	Promega	PowerPlex® ESX 16 и PowerPlex® ESI 16 Systems Bundle (Номера по каталогу DC6792 / DC6793)
PowerPlex ESX 17 и PowerPlex ESI 17	Promega	PowerPlex® ESX 17 and PowerPlex® ESI 17 Systems Bundle (Номера по каталогу DC6790 / DC6791)
PowerPlex S5	Promega	PowerPlex® S5 System (Номера по каталогу DC6951 / DC6950)
PowerPlex Y	Promega	PowerPlex® Y System (Номера по каталогу DC6761 / DC6760)
Monoplex D5S818	Promega	PowerPlex® 16 и ES Monoplex System, D5S818 (Номер по каталогу DC6601)
Monoplex D7S820	Promega	PowerPlex® 16 и ES Monoplex System, D7S820 (Номер по каталогу DC6621)
Monoplex D13S317	Promega	PowerPlex® 16 и ES Monoplex System, D13S317 (Номер по каталогу DC6611)
Monoplex D16S539	Promega	PowerPlex® 16 и ES Monoplex System, D16S539 (Номер по каталогу DC6631)
Monoplex TH01	Promega	PowerPlex® 16 и ES Monoplex System, TH01 (Номер по каталогу DC6561)
Monoplex TPOX	Promega	PowerPlex® 16 и ES Monoplex System, TPOX (Номер по каталогу DC6681)
Monoplex CSF1PO	Promega	PowerPlex® 16 и ES Monoplex System, CSF1PO (Номер по каталогу DC6641)

[1)] В ИСО/МЭК 19794-14:2013 допущена опечатка — указано «PowerPlex 1.1 and PowerPlex 1.1» вместо «PowerPlex 1.1 and PowerPlex 1.2».

Продолжение таблицы С.1

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

Окончание таблицы С.1

Идентификатор набора реагентов (название набора реагентов для ПЦР)	Изготовитель	Описание набора реагентов
Investigator Decaplex SE		Investigator Decaplex SE Kit (Номера по каталогу 381025 / 381027)
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 официальный сайт в сети Интернет:

http://www.nist.gov/itl/iad/ig/ansi_standard.cfm

Приложение D
(обязательное)

Локусы ДНК

D.1 Локусы ДНК

Таблица D.1 — Локусы ДНК

ИЛД[1)]	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
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

[1)] ИЛД — Идентификатор локуса ДНК (DNA Locus Reference, DLR).

Продолжение таблицы D.1

ИЛД	Аутосомный локус КТП	ИЛД	Локус *X*-КТП	ИЛД	Локус *Y*-КТП
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
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

Продолжение таблицы D.1

ИЛД	Аутосомный локус КТП	ИЛД	Локус *X*-КТП	ИЛД	Локус *Y*-КТП
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
				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

Окончание таблицы D.1

ИЛД	Аутосомный локус КТП	ИЛД	Локус *X*-КТП	ИЛД	Локус *Y*-КТП
				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
				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 официальный сайт в сети Интернет:

http://www.nist.gov/itl/iad/ig/ansi_standard.cfm

Приложение ДА
(справочное)

Сведения о соответствии ссылочных международных стандартов национальным стандартам

Таблица ДА.1

Обозначение ссылочного международного стандарта	Степень соответствия	Обозначение и наименование соответствующего национального стандарта
ISO/IEC 19794-1:2011	IDT	ГОСТ ISO/IEC 19794-1—2015 «Информационные технологии. Биометрия. Форматы обмена биометрическими данными. Часть 1. Структура»
ISO/IEC 19794-1:2011 (Изм. 2)	—	*

* Соответствующий национальный стандарт отсутствует.

Примечание — В настоящей таблице использовано следующее условное обозначение степени соответствия стандарта:

- IDT — идентичный стандарт.

УДК 004.93’1:006.89:006.354 ОКС 35.040 П85 IDT

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

БЗ 12—2017/39

Редактор *Е.С. Неверова*
Технический редактор *В.Н. Прусакова*
Корректор *М.В. Бучная*
Компьютерная верстка *Л.А. Круговой*

Сдано в набор 13.06.2017. Подписано в печать 20.06.2017. Формат 60×84 1/8. Гарнитура Ариал.
Усл. печ. л. 5,12. Уч.-изд. л. 4,63. Тираж 25 экз. Зак. 990.

Подготовлено на основе электронной версии, предоставленной разработчиком стандарта

Издано и отпечатано во ФГУП «СТАНДАРТИНФОРМ», 123995 Москва, Гранатный пер., 4.
www.gostinfo.ru info@gostinfo.ru