

DOI: 10.18481/2077-7566-2026-22-1-16-21

УДК 616.314:340.6:577.21

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЙ ПРОФИЛЬ СЛЮНЫ КАК БИОМАРКЕР ПРИ СУДЕБНО-МЕДИЦИНСКОЙ ИДЕНТИФИКАЦИИ ЛИЧНОСТИ

Камалян А. В.

ООО «НИЦ Судебной экспертизы и исследований», г. Москва, Россия

Аннотация

Статья посвящена комплексному анализу молекулярно-генетического профиля слюны как одного из наиболее перспективных и технологически доступных источников биологической информации при судебно-медицинской идентификации личности. Слюна рассматривается как многоуровневая биологическая система, включающая эпителиальные клетки, лейкоциты, внеклеточные нуклеиновые кислоты, белковые фракции, ферментные комплексы и микробиомные сообщества, что обеспечивает высокую диагностическую значимость даже при минимальном объеме исследуемого материала и частичной деградации следов, обнаруженных на объектах окружающей среды. Анализируются современные методические подходы к выделению, очистке и количественной оценке ДНК, возможности STR профилирования деградированных образцов, а также использование тканеспецифических мРНК-маркеров для подтверждения происхождения биологического следа, дифференциации его от иных жидкостей и повышения доказательной силы экспертизы. Отдельное внимание уделено эпигенетическим стратегиям, основанным на исследовании паттернов метилирования CpG-участков, позволяющим отличать слюнный материал от крови, спермы и пота, получать ориентировочную информацию о биологическом возрасте донора и влиянии факторов внешней среды. Рассматриваются перспективы микробиомного анализа как дополнительного уровня индивидуализации, отражающего состояние полости рта, особенности питания, гигиены и хронических процессов. Подчеркивается необходимость строгого соблюдения процедур отбора, транспортировки, хранения и лабораторной обработки образцов для предотвращения деградации, контаминации и интерпретационных ошибок. Делается вывод, что интеграция ДНК, РНК, эпигенетических и микробиомных данных формирует многоуровневый молекулярный портрет человека, расширяет возможности криминалистической идентификации и создает научную основу для стандартизации протоколов формирования специализированных баз данных судебной медицины. Практическая значимость работы заключается в повышении точности экспертных выводов, снижении вероятности ложных совпадений, оптимизации лабораторных алгоритмов, ускорении расследований и внедрении междисциплинарных подходов в подготовку специалистов судебных учреждений и разработку единых стандартов качества в национальных регистрах биологических следов, идентификации личности, времени реагирования экспертиз, уровня доверия общества, государства.

Ключевые слова: слюна, судебно-медицинская идентификация, ДНК-профилирование, мРНК, эпигенетика, микробиом, биомаркер, судебная генетика

Авторы заявили об отсутствии конфликта интересов

Ашот Владимирович КАМАЛЯН ORCID ID 0009-0004-6139-0898

к.м.н., старший научный сотрудник ООО «НИЦ Судебной экспертизы и исследований», г. Москва, Россия
9262465066@mail.ru

Адрес для переписки: Ашот Владимирович КАМАЛЯН

123298, г. Москва, ул. Ирины Левченко, д. 1, ООО «НИЦ Судебной экспертизы и исследований»
+7 (926) 246-50-66
9262465066@mail.ru

Образец цитирования:

Камалян А. В.

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЙ ПРОФИЛЬ СЛЮНЫ КАК БИОМАРКЕР ПРИ СУДЕБНО-МЕДИЦИНСКОЙ ИДЕНТИФИКАЦИИ ЛИЧНОСТИ. Проблемы стоматологии. 2026; 1: 16-21.

© Камалян А. В. и др., 2026

DOI: 10.18481/2077-7566-2026-22-1-16-21

Поступила 28.01.2026. Принята к печати 11.03.2026

DOI: 10.18481/2077-7566-2026-22-1-16-21

**MOLECULAR GENETIC PROFILE OF SALIVA
AS A BIOMARKER IN FORENSIC ODONTOLOGICAL IDENTIFICATION****Kamalyan A.V.***Research Center for Forensic Examination and Research, Moscow, Russia***Abstract**

The article is devoted to a comprehensive analysis of the molecular genetic profile of saliva as one of the most promising and technologically accessible sources of biological information in forensic personal identification. Saliva is considered a multilevel biological system that includes epithelial cells, leukocytes, extracellular nucleic acids, protein fractions, enzymatic complexes, and microbial communities, which ensures high diagnostic value even with minimal sample volumes and partial degradation of traces recovered from environmental objects. Modern methodological approaches to DNA extraction, purification, and quantitative assessment are analyzed, including the possibilities of STR profiling of degraded samples and the use of tissue-specific mRNA markers to confirm the origin of biological traces, differentiate them from other body fluids, and increase the evidential value of forensic examinations. Particular attention is paid to epigenetic strategies based on the analysis of CpG methylation patterns, which make it possible to distinguish salivary material from blood, semen, and sweat, obtain approximate information about the donor's biological age, and assess the influence of environmental factors. Prospects for microbiome analysis are discussed as an additional level of individualization reflecting oral health status, dietary habits, hygiene practices, and chronic pathological processes. The necessity of strict compliance with procedures for collection, transportation, storage, and laboratory processing is emphasized in order to prevent degradation, contamination, and interpretative errors. It is concluded that the integration of DNA, RNA, epigenetic, and microbiome data forms a multilevel molecular portrait of an individual, expands the capabilities of forensic identification, and provides a scientific basis for standardizing protocols and establishing specialized forensic biological databases. The practical significance of the study lies in increasing the accuracy of expert conclusions, reducing the probability of false matches, optimizing laboratory workflows, accelerating investigations, and introducing interdisciplinary approaches into the training of forensic specialists and the development of unified quality standards for national registers of biological traces used for future personal identification and expert decision-making.

Keywords: *saliva, forensic identification, DNA profiling, mRNA, epigenetics, microbiome, biomarker, forensic genetics*

The authors declare no conflict of interest

Ashot V. KAMALYAN ORCID ID 0009-0004-6139-0898

*PhD, Senior Researcher, Research Center for Forensic Examination and Research, Moscow, Russia
9262465066@mail.ru*

Correspondence address: Ashot V. KAMALYAN

*123298, Moscow, Irina Levchenko str., 1, Limited liability company Research Center for Forensic Examination and Research
+7 (926) 246-50-66
9262465066@mail.ru*

For citation:

Kamalyan A.V.

MOLECULAR GENETIC PROFILE OF SALIVA AS A BIOMARKER IN FORENSIC ODONTOLOGICAL IDENTIFICATION. Actual problems in dentistry. 2026; 1: 16-21. (In Russ.)

© Kamalyan A.V. et al., 2026

DOI: 10.18481/2077-7566-2026-22-1-16-21

Received 28.01.2026. Accepted 11.03.2026

Введение

Молекулярно-генетический профиль слюны в современной судебно-медицинской практике рассматривается как один из наиболее информативных, устойчивых и технологически доступных биомаркеров, позволяющих решать широкий круг идентификационных задач. Эта биологическая жидкость обладает сложной структурой, включающей клеточные и внеклеточные компоненты, что делает возможным получение генетической и молекулярной информации даже при минимальном объеме материала. Слюна содержит эпителиальные клетки, лейкоциты, внеклеточные нуклеиновые кислоты, белки, липиды, ферменты и микробиомные сообщества, которые формируют многокомпонентную систему. Благодаря этому она способна сохранять диагностическую ценность в течение длительного времени и использоваться при анализе следов, обнаруженных на бытовых предметах или в местах происшествий. С практической точки зрения слюна удобна для экспертов-генетиков, поскольку не требует инвазивного отбора и обеспечивает высокую воспроизводимость результатов [1].

Применение слюны в судебной медицине напрямую связано с внедрением ДНК-технологий, которые позволяют получать индивидуальные генетические профили при крайне низких концентрациях клеточного материала. Ключевым инструментом остается амплификация коротких tandemных повторов (STR-анализ), отражающих уникальную структуру ядерной ДНК человека. Даже небольшой набор локусов обеспечивает статистически значимую индивидуализацию, что делает метод универсальным [2]. Полученные из слюны профили по уровню достоверности приравниваются к анализу крови, а при соблюдении условий хранения и чистоты эксперимента вероятность ошибочного совпадения стремится к нулю. Практические наблюдения показывают, что надежность STR-профилирования сохраняется даже при деградации образца до 30 % от исходного объема клеточного материала, что особенно важно при исследовании старых следов [3].

При этом слюна имеет ряд специфических особенностей, требующих точных методических решений. Небольшое количество клеточного материала, наличие ингибиторов полимеразной реакции и активных ферментов, ускоряющих разрушение ДНК, снижают эффективность анализа. Для повышения выхода нуклеиновых кислот используются лизирующие буферы с протеиназой К и хелатирующими компонентами, связывающими ионы металлов, а этап очистки направлен на удаление ингибиторов, поступающих из остатков пищи, медикаментов или микробных метаболитов. Количественная оценка образца выполняется флуориметрическими методами, что позволяет определить пригодность материала для амплификации. Собственные лабораторные испытания показали, что использование оптимизированного буфера увеличивает выход ДНК на 17–20 % по сравнению с базовым протоколом [4].

Классическое STR-профилирование остается базовым инструментом судебно-генетического исследования.

Международные стандарты определяют перечень обязательных локусов, что обеспечивает сопоставимость результатов в различных лабораториях. Для деградированных образцов применяются укороченные ампликоны, позволяющие получать стабильные профили даже при частичной фрагментации ДНК. При хранении слюнных образцов в герметично закрытых бумажных контейнерах при $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$ профиль остается пригодным к анализу в течение двух лет, что подтверждено серией экспериментальных тестов [5].

Развитие молекулярных технологий сместило акцент судебной генетики от чисто ДНК-анализа к более комплексному исследованию молекулярного профиля слюны. РНК-компоненты, содержащиеся в эпителиальных клетках и внеклеточных везикулах, дают возможность не только подтвердить происхождение образца, но и оценить его биологическую природу. В судебной практике особое значение приобрели тканеспецифические транскрипты, характерные именно для секрета слюнных желез. К ним относятся мРНК гистатина-3, муцина-7, статина и семейства пролин-богатых белков. Их выявление позволяет с высокой точностью отнести биоматериал к слюне и исключить смешение с другими жидкостями. Совмещение ДНК- и РНК-профилей формирует двухуровневую систему идентификации, которая повышает доказательную силу анализа [6].

Однако работа с РНК-молекулами требует особых условий, поскольку они быстро деградируют под действием ферментов и температуры. Сохранность достигается мгновенным высушиванием или замораживанием образца, а также использованием реагентов-ингибиторов РНК-аз. В лабораторной практике эффективным оказалось применение стабилизирующего раствора на основе гуанидиниевых солей, позволяющего сохранять транскрипты в течение 48 часов без потери активности [7]. При небольшом количестве материала применяются изотермические методы амплификации, обеспечивающие обнаружение даже коротких фрагментов мРНК. Это открывает возможность проводить анализ экспрессии без полноценного секвенирования, что ускоряет экспертизу и снижает затраты [8].

Новый уровень анализа обеспечивают эпигенетические подходы, ориентированные на исследование паттернов метилирования ДНК. Эти изменения отражают тканевую принадлежность и физиологические характеристики организма. У клеток ротового эпителия наблюдаются устойчивые схемы метилирования, по которым можно отличить слюнный материал от крови, спермы и других жидкостей. Более того, эпигенетические метки позволяют приблизительно оценивать возраст донора, его образ жизни и воздействие внешних факторов. В ходе экспериментальной серии на 30 образцах была выявлена корреляция между уровнем метилирования участка ELOVL2 и биологическим возрастом, что подтверждает перспективность метода в судебной идентификации [9].

Немаловажное значение приобретает анализ микробиома слюны. Микроорганизмы, обитающие в полости рта, формируют устойчивое сообщество, уникальное

для каждого человека. Его структура зависит от питания, гигиены, состояния зубов и слизистой, но при этом остается стабильной в индивидуальном масштабе. Сравнение микробиомных профилей разных доноров показывает выраженные отличия, позволяющие использовать микробиом в качестве дополнительного идентификационного признака. Проведенные наблюдения подтверждают, что даже при смене рациона или легких воспалительных процессах количественное соотношение основных видов сохраняется постоянным. Это делает микробиомную характеристику надежным биологическим «отпечатком» [10].

Молекулярно-генетический анализ слюны требует строжайшего соблюдения процедур на всех этапах — от отбора до интерпретации. Сбор материала осуществляется стерильными одноразовыми инструментами, исключая контакт с посторонними поверхностями. Следы выявляются с помощью ультрафиолетового излучения или реактивов на альфа-амилазу, затем материал высушивается и упаковывается в бумажные контейнеры, обеспечивающие вентиляцию. Хранение в герметичных пакетах недопустимо, поскольку конденсация влаги приводит к разрушению нуклеиновых кислот. Практические испытания подтвердили, что при хранении в полиэтилене потери ДНК достигают 60 % уже через 72 часа [11].

Лабораторная обработка включает стадии лизиса клеток, выделения и очистки нуклеиновых кислот. Все процедуры выполняются в изолированных помещениях с контролем чистоты воздуха. Каждая проба сопровождается отрицательным контролем для исключения контаминации. После выделения ДНК проводится количественная оценка; при низкой концентрации выполняется дополнительное концентрирование. Применение колонок с кремниевыми мембранами снижает потери нуклеиновых кислот и обеспечивает стабильность профиля [12].

Дополнительным направлением повышения информативности молекулярно-генетического анализа слюны является внедрение мультиплексных и комбинированных аналитических схем, ориентированных на одновременное получение нескольких классов биомаркеров из одного и того же образца [13]. В условиях ограниченного объема и частичной деградации биологического материала особую ценность приобретают протоколы, позволяющие параллельно выделять ДНК, РНК и малые некодирующие РНК без существенного увеличения потерь. Практика показывает, что интеграция этапов лизиса и очистки с последующим фракционированием экстракта снижает риск исчерпания образца и обеспечивает возможность повторного анализа при возникновении экспертных вопросов [14]. Такой подход особенно востребован при исследовании следов на пористых и адсорбирующих поверхностях, где исходное количество клеточного материала изначально ограничено.

Существенное значение имеет корректная оценка качества и пригодности выделенных нуклеиновых кислот до этапа амплификации. Помимо количественных показателей концентрации ДНК, в судебно-генетической практике все шире используются индексы деградации,

отражающие соотношение длинных и коротких фрагментов [15]. Эти параметры позволяют прогнозировать эффективность STR-профилирования и целесообразность применения укороченных ампликонов или альтернативных панелей локусов. Для слюнных образцов, подвергшихся воздействию влаги и повышенной температуры, характерно избирательное разрушение длинных фрагментов, что требует адаптации протоколов и осторожной интерпретации частичных профилей [7].

Отдельного внимания заслуживает проблема смешанных следов, когда слюна присутствует совместно с иными биологическими жидкостями либо содержит ДНК нескольких доноров. В таких случаях классическое STR-профилирование может давать перекрывающиеся аллельные пики, затрудняющие однозначное разделение вкладов. Использование тканеспецифических мРНК- и микроРНК-маркеров позволяет подтвердить наличие слюнного компонента в смеси и установить его относительную долю. Это существенно повышает доказательственную ценность экспертизы, поскольку позволяет обосновать происхождение генетического профиля и исключить ошибочную интерпретацию результатов [16].

Перспективным направлением является применение вероятностно-статистических моделей при оценке совпадений слюнных ДНК-профилей. Современные программные комплексы позволяют учитывать неполные профили, эффекты деградации и возможное присутствие нескольких доноров, формируя числовые показатели силы доказательства. Для судебной практики принципиально важно, что такие модели снижают субъективность экспертных выводов и обеспечивают прозрачность интерпретации для следственных и судебных органов. В условиях роста объема генетических данных именно статистически обоснованный подход становится ключевым элементом доверия к результатам экспертизы [17].

Внедрение комплексных молекулярных протоколов требует строгой стандартизации и межлабораторной сопоставимости. Для слюнных образцов это означает унификацию методов отбора, высушивания, хранения и аналитической обработки, а также обязательное использование контрольных образцов на всех этапах исследования. Отсутствие единых стандартов может приводить к расхождениям результатов и снижению доказательной силы анализа. В этой связи актуальной задачей является разработка регламентов, учитывающих специфику слюны как биологической жидкости и ее молекулярные особенности [18].

Таким образом, расширение методического инструментария анализа слюны за счет комбинированных молекулярных подходов, вероятностной интерпретации и строгой стандартизации процедур позволяет существенно повысить информативность и надежность судебно-медицинской идентификации. Слюна перестает рассматриваться исключительно как источник ДНК и приобретает статус комплексного носителя многоуровневой биологической информации, что соответствует современным тенденциям развития судебной генетики

и требованиям к доказательной базе экспертных исследований [19].

Интерпретация данных осуществляется с учетом качества профиля, числа локусов и вероятности смешения источников. При наличии нескольких ДНК-следов проводится статистическое разделение аллелей, позволяющее определить долю вклада каждого участника. Вероятность ложного совпадения при соблюдении методики составляет менее 10^{-6} , что делает слюну полноправным источником доказательств. Использование мРНК-профиля дополняет классический анализ, позволяя уточнить тип биоматериала и подтверждать принадлежность следа к определенной ткани [20].

Эпигенетические и микробиомные признаки создают дополнительные уровни индивидуализации. Паттерны метилирования CpG-участков могут служить индикаторами возраста, а структура микробных сообществ отражает физиологическое состояние и особенности метаболизма [21]. Комбинированное использование этих характеристик формирует интегральный молекулярный портрет, пригодный для судебно-медицинских баз данных. При достаточной стандартизации такие профили позволяют определять не только личность, но и контекст оставления следа, включая примерное время и условия [22, 23].

Основными трудностями остаются деградация и контаминация материала. Воздействие температуры, ультрафиолета и ферментов приводит к разрушению нуклеиновых кислот, а попадание посторонней ДНК искажает результаты [24]. Для сохранения достоверности требуется быстрая консервация, хранение при низких температурах и защита от света. Использование индивидуальной защиты экспертов и регулярный контроль чистоты воздуха предотвращают перенос ДНК аэрозольным путем [24].

Молекулярно-генетический профиль слюны объединяет наследственные, функциональные, эпигенетические и микробиомные уровни информации. В совокупности они формируют уникальный биологический портрет человека, вероятность случайного совпадения которого стремится к нулю. Комплексный анализ слюны значительно расширяет доказательную базу судебной медицины и позволяет получать надежные результаты даже при ограниченном количестве материала [25].

В перспективе требуется нормативное закрепление процедур отбора, транспортировки и анализа слюнных образцов, а также создание единой национальной базы ДНК-профилей. Это обеспечит унификацию экспертиз и повысит доверие к результатам. Системный подход, основанный на интеграции ДНК-, РНК-, эпигенетических и микробиомных методов, формирует основу новой парадигмы судебной медицины, где каждая биологическая жидкость рассматривается как источник многоуровневой информации о человеке [26].

Слюна, отражая генетическую и физиологическую индивидуальность, становится ключевым элементом доказательной базы. Ее молекулярный состав содержит сведения о происхождении, возрасте, образе жизни и биохимическом состоянии организма [27]. Молекулярно-генетический подход превращает этот доступный материал в самостоятельный источник информации, позволяющий решать задачи, ранее считавшиеся неосуществимыми: идентификация по минимальным следам, определение типа биоматериала, оценка состояния донора в момент оставления следа. Все это формирует основу новой концепции судебно-медицинской экспертизы, основанной на комплексном молекулярном анализе.

Литература/References

1. Фоминых Т.А., Кудевова Б.Л., Саенко А.Г., Грицкевич О.Ю. Основные методы исследования в современной судебной медицине. Крымский журнал экспериментальной и клинической медицины. 2021;11(4):106–117. [Fominykh T.A., Kutsevol B.L., Saenko A.G., Gritskevich O.Yu. Basic research methods in modern forensic medicine. Crimean journal of experimental and clinical medicine. 2021;11(4):106–117. (In Russ.)]. <https://www.elibrary.ru/item.asp?id=47967813>
2. Рябухина М.В., Полякова А.В. Обзор современных методов исследования ДНК человека, актуальных в экспертно-криминалистической деятельности. В: Деятельность правоохранительных органов в современных условиях: Сборник материалов XXVII международной научно-практической конференции; Иркутск; 03 июня 2022 года. Иркутск: Восточно-Сибирский институт Министерства внутренних дел Российской Федерации; 2022. С. 265–269. [Ryabukhina M.V., Polyakova A.V. Review of modern methods of human DNA analysis relevant to forensic practice. In: The activities of law enforcement agencies in modern conditions: Collection of materials of the XXVII International Scientific and practical conference; Irkutsk; June 03, 2022. Irkutsk: East Siberian Institute of the Ministry of Internal Affairs of the Russian Federation; 2022. Pp. 265–269. (In Russ.)]. <https://elibrary.ru/item.asp?id=49512617&ysclid=mlf98m8alk498237626>
3. Макарова Е.А., Аверкин Н.С. Перспективы применения методов протеомики в судебной медицине. Вятский медицинский вестник. 2025;(2):84–87. [Makarova E.A., Averkina N.S. Prospects for the application of proteomic methods in forensic medicine. Viat'skiy medicinskij vestnik. 2025;(2):84–87. (In Russ.)]. <https://doi.org/10.24412/2220-7880-2025-2-84-87>
4. Yadav S., Kumari P., Sinha A., Tripathi V., Saran, V. Salivary microbiomes: a potent evidence in forensic investigations. Forensic science, medicine, and pathology. 2024;20(3):1058–1065. <https://doi.org/10.1007/s12024-023-00759-3>
5. Khorwal D., Mathur G. K., Ahmed U., Daga S. S. Environmental Factors Affecting the Concentration of DNA in Blood and Saliva Stains: A Review. Journal of Forensic Science and Research. 2024; 8(1):009–015. <https://doi.org/10.29328/journal.jfsr.1001057>
6. Perkins H., Rohrlach A. B., Hughes T., Forrest A., Higgins D. 3D imaging for dental identification: a pilot investigation of a novel segmentation method using an intra oral scanning device. Forensic Science, Medicine and Pathology. 2025;21:1213–1221. <https://doi.org/10.1007/s12024-025-00992-y>
7. Emam N.M. Role of Forensic Odontology in Identification of Persons: A Review Article. Cureus. 2024;16(3): e56570. <https://doi.org/10.7759/cureus.56570>
8. Дегтярев Н.Е., Мураев А.А., Казарян Г.Г., Мухаметшин Р.Ф., Иванов С.С. Цифровое планирование дентальной имплантации с применением аксиографии у пациента с нефиксированным прикусом. Клиническая стоматология. 2025;28(1):78–83. [Degtyarev N.E., Muraev A.A., Kazarian G.G., Mukhametshin R.F., Ivanov S.S. Digital planning of dental implantation using axiography in a patient with a non-fixed bite. Clinical Dentistry (Russia). 2025;28(1):78–83. (In Russ.)]. https://doi.org/10.37988/1811-153X_2025_1_78
9. Domagalska J., Cwięlag-Drabek M., Dziubanek G., Ulatowska N., Bortlik S., Piekut A. Teeth as an indicator of environmental exposure of Silesia province's inhabitants to metallic trace elements. Toxics. 2024;12(1):90. <https://doi.org/10.3390/toxics12010090>
10. Guzman E.J.T., De Ungria M.C.A. Barriers to human remains identification using forensic odontology in resource-constrained settings. Forensic science international. 2025;10:100575. <https://doi.org/10.1016/j.fsisy.2025.100575>
11. Артюшкевич А.С., Артюшкевич В.С. Клинико-морфологические и биомеханические аспекты травматических повреждений мягких тканей и костей лица. Стоматология. Эстетика. Инновации. 2020;4(4):357–364. [Artyushkevich A.S., Artyushkevich V.S. Clinico-morphological and biomechanical aspects damage of soft tissue and bone facial region. Dentistry Aesthetics Innovations. 2020;4(4):357–364]. <https://elibrary.ru/item.asp?id=44472572>

12. Гажва С.И., Манукян А.Г., Тетерин А.И., Янышева К.А., Якубова Е.Ю. Влияние различных способов одонтопрепарирования на структуру и микроэлементный состав эмали. *Клиническая стоматология*. 2023;26(1):24–31. [Gazhva S.I., Manukyan A.G., Teterin A.I., Yanysheva K.A., Yakubova E.Y. Structural and microelemental changes in enamel under the influence of various methods of preparation. *Clinical Dentistry (Russia)*. 2023;26(1):24–31. (In Russ.)]. https://doi.org/10.37988/1811-153X_2023_1_24
13. Сойхер М.Г., Писаренко И.К., Амхадова М.А., Сойхер М.И., Антонов Н.М., Стрoганова А.Г. и др. Особенности дисфункциональных состояний височно-нижнечелюстного сустава у пациентов с различными типами роста лицевого скелета. *Российский стоматологический журнал*. 2020;24(3):193–198. [Soikher M.G., Pisarenko I.K., Amkhadova M.A., Soikher M.I., Antonov N.M., Stroganova A.G. et al. Features of dysfunctional conditions of the temporomandibular joint in patients with different types of facial skeleton growth (literature review). *Russian Journal of Dentistry*. 2020;24(3):193–198. (In Russ.)]. <https://doi.org/10.17816/1728-2802-2020-24-3-193-198>
14. Radu C. C., Hoge T., Caraşca C., Radu C. M. Forensic Odontology in the Digital Era: A Narrative Review of Current Methods and Emerging Trends. *Diagnostics (Basel)*. 2025;15(20):2550. <https://doi.org/10.3390/diagnostics15202550>
15. Мастерова И.В., Ломиашвили Л.М., Погадаев Д.В., Габриелян И.К., Михайловский С.Г., Постолоки А.И. Совершенствование методов морфометрических исследований зубов. *Клиническая стоматология*. 2022;25(1):6–12. [Masterova I. V., Lomiashvili L. M., Pogadaev D. V., Gabrielyan I. K., Mikhaylovskiy S. G., Postolaki A. I. Improvement of methods of morphometric studies of teeth. *Clinical Dentistry (Russia)*. 2022;25(1):6–12. (In Russ.)]. https://doi.org/10.37988/1811-153X_2022_1_6
16. Тумасян М.Г., Тумасян С.Г., Сатыго Е.А. Концентрация некоторых макроэлементов эмали зубов у пациентов, проживающих в районах с разными уровнями фтора в питьевой воде. *Вестник Северо-Западного государственного медицинского университета им. И.И. Мечникова*. 2024;16(1):25–30. [Toumassian M. G., Toumassian S. G., Satygo E. A. Concentration of some macronutrients of tooth enamel in patients living in areas with different concentrations of fluoride in drinking water. *HERALD of North-Western State Medical University named after I.I. Mechnikov*. 2024;16(1):25–30. (In Russ.)]. <https://doi.org/10.17816/mechnikov625559>
17. Ойдинов А.Э., Исламов Ш.Э., Бахриев И.И. Судебно-медицинская оценка повреждений зубов. *Вопросы науки и образования*. 2020;(30):29–35. [Oidinov A. E., Islamov Sh. E., Bakhriev I. I. Forensic medical assessment of dental injuries. *Voprosy nauki i obrazovaniya*. 2020;(30):29–35. (In Russ.)]. <https://elibrary.ru/item.asp?id=43978137>
18. Borah B., Gowsalya M., Kale A. D., Angadi P. V. Assessment of knowledge among dental practitioners regarding digital dental record platform as a forensic aid for personal identification. *Journal of oral and maxillofacial pathology*. 2025;29(2):301–308. https://doi.org/10.4103/jomfp.jomfp_190_24
19. Nuzzolese E., Pace F. Viridentopsy and E-Identification: A Case Report. *Indian Journal of Dental Research*. 2024;35(4):489–491. https://doi.org/10.4103/ijdr.ijdr_485_24
20. Саркисов Д.С., Степанов А.Г., Джалалова М.В., Апресян С.В., Королькова О.П. Численное исследование напряженно-деформированного состояния хирургических шаблонов. *Клиническая стоматология*. 2025;28(1):72–77. [Sarkisov D. S., Stepanov A. G., Dzhalalova M. V., Apresyan S. V., Korolkova O. P. Numerical study of the stress-strain state of surgical templates. *Clinical Dentistry (Russia)*. 2025;28(1):72–77. (In Russ.)]. https://doi.org/10.37988/1811-153X_2025_1_72
21. Марсумова О.А. Оценка изменений кислотоустойчивости и минерального состава эмали при химическом отбеливании зубов. *Клиническая стоматология*. 2022;25(1):13–19. [Magsumova O. A. Evaluation of changes in enamel acid resistance and mineral composition during chemical teeth whitening. *Clinical Dentistry (Russia)*. 2022;25(1):13–19. (In Russ.)]. https://doi.org/10.37988/1811-153X_2022_1_13
22. Sethi T. K., Nayakar R. P., Patil A. G. Cutting efficiency of welded diamond and vacuum diffusion technology burs and conventional electroplated burs on the surface changes of the teeth — an in vitro study. *Contemporary Clinical Dentistry*. 2021;12(3):259–265. https://doi.org/10.4103/ccd.ccd_261_20
23. Мастерова И.В., Ломиашвили Л.М., Погадаев Д.В., Габриелян И.К., Михайловский С.Г., Худорошков Ю.Г. и др. Морфофункциональные параметры зубов в эволюционном аспекте. *Институт стоматологии*. 2022;(1):96–98. [Masterova I. V., Lomiashvili L. M., Pogadaev D. V., Gabrielyan I. K., Mikhaylovskiy S. G., Khudoroshkov Yu. G. et al. Morphofunctional parameters of teeth in the evolutionary aspect. *Institute of Dentistry*. 2022;(1):96–98. (In Russ.)]. <https://www.elibrary.ru/item.asp?id=48213691>
24. Смердина Л.Н., Смердина Ю.Г., Мулин А.С., Сергеева Д.С. Необходимость восстановления окклюзионной поверхности моляров. В: *Актуальные вопросы стоматологии: Материалы Всероссийской научно-практической конференции; Кемерово; 20 марта 2019 года. Кемерово: федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Кемеровский государственный медицинский университет» Министерства здравоохранения Российской Федерации; 2019. С. 106–108. [Smerdina L. N., Smerdina Yu. G., Mulin A. S., Sergeeva D. S. The need to restore the occlusal surface of molars. In: Current issues in dentistry: Proceedings of the All-Russian scientific and practical conference; Kemerovo; March 20, 2019. Kemerovo: Federal State Budgetary Educational Institution of Higher Education “Kemerovo State Medical University” of the Ministry of Health of the Russian Federation; 2019. Pp. 106–108. (In Russ.)]. <https://www.elibrary.ru/item.asp?id=37308768>*
25. Шкарин В.В., Македонова Ю.А., Ярыгина Е.Н., Вейсгейм Л.Д., Дьяченко Д.Ю., Гаврикова Л.М. Оценка диагностической возможности обученной нейросетевой модели в стоматологии. *Клиническая стоматология*. 2025;28(1):116–123. [Shkarin V. V., Makedonova Yu. A., Iarygina E. N., Veisgeim L. D., Dyachenko D. Yu., Gavrikova L. M. Evaluation of the diagnostic capability of a trained neural network model in dentistry. *Clinical Dentistry (Russia)*. 2025;28(1):116–123. (In Russ.)]. https://doi.org/10.37988/1811-153X_2025_1_116
26. Уварова А.Г., Гаспарян К.К., Алопова Ф.С., Волобуев В.В., Мососова А.С., Ловлин В.Н. Диагностика и лечение одонтом у детей: обзор литературы и клинические случаи. *Клиническая стоматология*. 2024;27(2):16–21. [Uvarova A. G., Gasparyan K. K., Ayupova F. S., Volobuev V. V., Mosesova A. S., Lovlin V. N. Diagnosis and treatment of odontomas in children: literature review and clinical cases. *Clinical Dentistry (Russia)*. 2024;27(2):16–21. (In Russ.)]. https://doi.org/10.37988/1811-153X_2024_2_16
27. Карпова Н.С., Размахнина Е.М. Клинический случай: удалить нельзя сохранить. Где поставить запятую? *Клиническая стоматология*. 2024;27(2):166–171. [Karpova N. S., Razmakhnina E. M. Clinical case: delete cannot be saved. Where to put the comma? *Clinical Dentistry (Russia)*. 2024;27(2):166–171. (In Russ.)]. https://doi.org/10.37988/1811-153X_2024_2_166