



## Молекулярна генетика на варті закону

Л. І. Кучеренко<sup>1</sup>A,D,E,F, І. В. Павлюк<sup>2</sup>A,B,C,D, О. В. Хромильова<sup>1</sup>\*A,B,D,E

<sup>1</sup>Запорізький державний медико-фармацевтичний університет, Україна, <sup>2</sup>Запорізький науково-дослідний експертно-криміналістичний центр МВС України

A – концепція та дизайн дослідження; B – збір даних; C – аналіз та інтерпретація даних; D – написання статті; E – редагування статті; F – остаточне затвердження статті

Молекулярна генетика – один із ключових інструментів сучасної медицини. За її допомогою вчені можуть досліджувати структуру та функції ДНК, розшифровувати генетичні коди та розробляти нові методи лікування. В умовах сучасного світу, де все частіше відбуваються глобальні кризи, такі як війна в Україні, роль молекулярної генетики виходить далеко за межі стандартних медичних завдань і стає критично важливою для вирішення соціальних, правових і гуманітарних проблем. Відтак, молекулярні технології стають важливим інструментом і для підтримки здоров'я населення, і для захисту людських прав.

**Мета роботи** – вивчення й оптимізація методів молекулярно-генетичної ідентифікації особистості з використанням ДНК-аналізу в криміналістичній практиці.

**Матеріали і методи.** Дослідження спрямоване на оцінювання ефективності та точності ДНК-аналізу для вирішення завдань ідентифікації, а також його застосування в умовах складних біологічних зразків, що важливо для забезпечення достовірності результатів ДНК-експертиз у контексті криміналістики.

На першому етапі здійснюють цитологічне дослідження для виявлення клітин з ядрами, після чого роблять екстракцію ДНК за допомогою протеїназної обробки, фенол-хлороформного очищення або методом іонообмінної смоли «Chelex». Для оцінювання кількості та якості виділеної ДНК застосовують прилад «Applied Biosystems» 7300 RealTime PCR Systems, що дає змогу встановити стан ДНК для наступного аналізу методом полімеразної ланцюгової реакції (ПЛР). За допомогою цього методу, що дає змогу ампліфікувати навіть мінімальні фрагменти ДНК, вдається отримати мільйони копій ДНК, що робить можливим її вивчення надалі, навіть якщо є лише мікрокількості біологічних слідів. Отримані дані аналізують із використанням генетичного аналізатора «Applied Biosystems» 3500, що має вісім колонок і дає змогу аналізувати одночасно вісім об'єктів, та чотириканального генетичного аналізатора «SeqStudio». Цей метод допомагає деталізувати довжину ДНК-фрагментів і розрізнити їх за флуоресцентним маркуванням, що використовують для побудови ДНК-профілю та встановлення спорідненості або ідентифікації особистості.

**Результати.** Результати дослідження підтверджують, що використання молекулярних методів дає змогу досягати високих показників точності, відтворюваності та надійності даних. Це особливо важливо для складних справ, коли інші методики не можуть дати потрібного результату. Молекулярні технології ДНК-аналізу зарекомендували себе як ефективний метод, що дає змогу не лише ідентифікувати особистість, але й відновити хронологію подій на основі мікрослідів біологічного походження, що значно підвищує точність, надійність експертиз і допомагає в розкритті злочинів.

**Висновки.** Впровадження молекулярної технології в експертну практику дає змогу аналізувати гранично малі кількості ядерної та мітохондріальної ДНК й досягати максимально можливої сьогодні ефективності дослідження найскладніших біологічних об'єктів: волосся, що випало (один з об'єктів, що найчастіше вилучають з місць злочинів), кісткових рештків (зокрема ексгумованих), муміфікованих і висохлих тканин, клітин епідермісу. Криміналістичний ДНК-аналіз визнано у світі одним із найперспективніших напрямів розвитку судових експертиз, а його результати є одним із найнадійніших доказів. Це доводить актуальність досліджень у галузі молекулярної біології та генетики, що спрямовані на вдосконалення методів ДНК-аналізу. Актуальність досліджень також зумовлена необхідністю підвищення точності та достовірності даних, що особливо важливо під час роботи з мінімальними біологічними зразками або дуже пошкодженими матеріалами.

**Ключові слова:** молекулярна генетика, ДНК, аналіз, ідентифікація, локус.

**Актуальні питання фармацевтичної і медичної науки та практики. 2025. Т. 18, № 1(47). С. 57-63**

### Molecular genetics is on the guard of the law

L. I. Kucherenko, I. V. Pavliuk, O. V. Khromylova

Molecular genetics is one of the key tools of modern medicine. With its help, scientists can study the structure and function of DNA, decode genetic codes, and develop new treatments. In the conditions of the modern world, where global crises, such as the war in Ukraine,

#### ARTICLE INFO



UDC 547.061:577.21  
DOI: 10.14739/2409-2932.2025.1.314270

Current issues in pharmacy and medicine: science and practice. 2025;18(1):57-63

Keywords: molecular genetics, DNA, analysis, identification, locus.

\*E-mail: hromyleva.olga@gmail.com

Received: 30.10.2024 // Revised: 12.11.2024 // Accepted: 25.11.2024

occur more and more often, the role of molecular genetics goes far beyond standard medical tasks and becomes critically important for solving social, legal and humanitarian problems. Thus, molecular technologies have become an important tool both in the public health maintenance and in the human rights protection.

**Aim.** Study and optimization of methods of molecular genetic identification of a person using DNA analysis in forensic practice.

**Materials and methods.** The study is aimed at evaluating the effectiveness and accuracy of DNA analysis for solving identification tasks, as well as its application in the conditions of complex biological samples, which is important for ensuring the reliability of DNA expertise results in the context of forensics. At the first stage, a cytological examination is performed to identify cells with nuclei, after which DNA extraction is performed using proteinase treatment, phenol-chloroform purification, or the "Chelex" ion exchange resin method. The "Applied Biosystems" 7300 RealTime PCR Systems device is used to assess the quantity and quality of the isolated DNA, which allows to establish the state of the DNA for further analysis by the polymerase chain reaction (PCR) method. With the help of this method, which allows amplification of even minimal fragments of DNA, it is possible to obtain millions of copies of DNA, which enables its further study, even in the presence of trace amounts of biological traces. The obtained data are analyzed using the "Applied Biosystems" 3500 genetic analyzer, which has 8 columns and allows the simultaneous analysis of 8 objects and the four-channel "SeqStudio" genetic analyzer. This method helps to detail the length of DNA fragments and distinguish them by fluorescent labeling, which is used to build a DNA profile and establish kinship or identity.

**Results.** The results of the study confirm that the use of molecular methods allows achieving high levels of accuracy, reproducibility and reliability of data. This is especially important for complex cases where other methods cannot give the desired result. As a result, molecular technologies of DNA analysis have proven themselves as an effective method that allows not only to identify a person, but also to restore the chronology of events based on micro-traces of traces of biological origin, which significantly increases the accuracy and reliability of examinations, and helps in solving crimes.

**Conclusions.** The introduction of molecular technology into expert practice allows to perform the analysis of extremely small amounts of nuclear and mitochondrial DNA and thus to achieve the maximum effectiveness of researching the most complex biological objects to date: hair that has fallen out (one of the most frequently recovered objects from crime scenes); bone remains (including exhumed ones); mummified and dried tissues; cells of the epidermis. In the world, forensic DNA analysis is recognized as one of the most promising areas of development of forensic examinations, and its results are currently one of the most reliable pieces of evidence. This proves the relevance of research in the field of molecular biology and genetics, which are aimed at improving the methods of DNA analysis. The relevance of research is also due to the need to increase the accuracy and reliability of the obtained data, which is especially important when working with minimal biological samples or severely damaged materials.

**Keywords:** molecular genetics, DNA, analysis, identification, locus.

**Current issues in pharmacy and medicine: science and practice. 2025;18(1):57-63**

Молекулярна генетика – потужний інструмент, що допомагає людству здолати виклики сучасності. З початком повномасштабного вторгнення росії в Україну роль молекулярної генетики стала особливо важливою і в медицині, і в криміналістиці. В умовах війни, коли пошкодження та інфекції часто ускладнені нестабільною медичною інфраструктурою, генетичні дослідження допомагають лікарям швидше та точніше діагностувати стан пацієнтів [1]. Аналіз ДНК дає змогу виявляти схильність до захворювань, що стає важливим фактором під час лікування поранених і тих, хто зазнав стресу або екологічних ризиків, пов'язаних із воєнними діями, як-от забрудненням повітря, води або ґрунту [2].

Розвиток молекулярної біотехнології значно розширює горизонти персоналізованої медицини. Генетичні тести та молекулярні аналізи стають основою для створення індивідуальних методів діагностики, лікування й профілактики захворювань [3]. Наприклад, за допомогою генетичних тестів можна визначити, як організм пацієнта реагує на певні препарати. Це дає лікарям змогу розробити персоналізований план лікування. Крім того, молекулярна генетика допомагає відстежувати та контролювати поширення інфекційних захворювань, зокрема вірусних, що можуть швидко поширюватися в умовах перенаселених тимчасових прихистків для біженців або зруйнованих медичних закладів [4].

Не менш важливою сферою застосування молекулярної генетики є криміналістика [5]. Під час військових

конфліктів різко зростає кількість злочинів, зокрема пограбувань, насильства, вбивств, а також військових злочинів, включаючи тортури та вбивства мирних громадян. Методи ДНК-аналізу стають неоціненним інструментом встановлення осіб загиблих, ідентифікації жертв насильства, розслідування кримінальних і воєнних злочинів [6].

Технології молекулярної генетики дають змогу з високою точністю встановити особу людини за ДНК навіть у складних умовах, як-от у разі масових поховань або руйнувань, коли інші методи ідентифікації можуть бути недоступними [7].

ДНК-сліди можуть бути доказом у судових процесах, допомагають розслідувати воєнні злочини та притягувати винних до відповідальності [8].

Отже, молекулярна генетика в умовах війни – не лише інструмент порятунку життів завдяки точній діагностиці та лікуванню, але й важливий механізм правосуддя та відновлення справедливості [9]. Використовуючи можливості науки, можна і покращити здоров'я населення, і забезпечити захист прав людини за умов збройного конфлікту.

### Мета роботи

Вивчення й оптимізація методів молекулярно-генетичної ідентифікації особистості з використанням ДНК-аналізу в криміналістичній практиці.

## Матеріали і методи дослідження

Дослідження спрямоване на оцінювання ефективності та точності ДНК-аналізу для вирішення завдань ідентифікації, а також його застосування в умовах складних біологічних зразків, що важливо для забезпечення достовірності результатів ДНК-експертиз у контексті криміналістики.

На першому етапі здійснюють цитологічне дослідження для виявлення клітин з ядрами, після чого роблять екстракцію ДНК за допомогою протеїназної обробки, фенол-хлороформного очищення або методом іонообмінної смоли «Chelex». Для оцінювання кількості та якості виділеної ДНК застосовують прилад «Applied Biosystems» 7300 RealTime PCR Systems, що дає змогу встановити стан ДНК для наступного аналізу методом полімеразної ланцюгової реакції (ПЛР). За допомогою цього методу, що дає змогу ампліфікувати навіть мінімальні фрагменти ДНК, вдається отримати мільйони копій ДНК, що робить можливим її вивчення надалі, навіть якщо є лише мікрокількості біологічних слідів. Отримані дані аналізують із використанням генетичного аналізатора «Applied Biosystems» 3500, що має вісім колонок і дає змогу аналізувати одночасно вісім об'єктів, та чотириканального генетичного аналізатора «SeqStudio». Цей метод допомагає деталізувати довжину ДНК-фрагментів і розрізнити їх за флуоресцентним маркуванням, що використовують для побудови ДНК-профілю та встановлення спорідненості або ідентифікації особистості.

## Результати

Експертна служба Міністерства внутрішніх справ (МВС) України – система державних спеціалізованих установ, що належать до сфери управління МВС.

Завдання Експертної служби МВС:

1) забезпечення органів досудового розслідування, судових органів, інших державних органів, а також юридичних і фізичних осіб незалежною, кваліфікованою та об'єктивною експертизою;

2) оцінювання відповідності (випробування, сертифікації, інспектування) продукції, процесів і послуг; оцінювання майна, майнових прав і здійснення професійної оцінної діяльності; огляду й експертного дослідження транспортних засобів і реєстраційних документів, що їх супроводжують; відстрілювання вогнепальної зброї та огляду її технічного стану та інших робіт у межах компетенції;

3) ведення криміналістичного обліку, організація належного використання інформаційних фондів;

4) організація та забезпечення відповідно до законодавства науково-дослідної діяльності, упровадження її результатів.

В Експертній службі МВС здійснюють дослідження за понад 80 видами експертних спеціальностей [10], як-от дослідження почерку і підписів, вибухотехнічні дослідження, балістичні дослідження вогнепальної зброї та бойових припасів до неї, дактилоскопічні дослідження,

технічні дослідження матеріалів і засобів відео-, звукозапису, дослідження наркотичних засобів, психотропних речовин, їх аналогів та прекурсорів, молекулярно-генетичні дослідження, економічні дослідження у сфері інтелектуальної власності, мистецтвознавчі тощо.

Швидкий розвиток молекулярно-генетичних досліджень дав змогу впровадити в криміналістичну судово-медичну експертну практику методи ДНК-ідентифікації з використанням ПЛР. Це, так би мовити, «геномна дактилоскопія», що дає змогу ідентифікувати людину за зразками крові, сперми, волосся, залишками кісток та іншими слідами біологічного походження. Метод широко застосовують в експертизах кримінальних і цивільних справ у всьому світі, у тому числі в Україні [11]. ПЛР-дактилоскопія дає змогу ідентифікувати не тільки особу – її застосовують для встановлення біологічного споріднення, ототожнення частин тіла, визначення генетичної статі [12,13].

З початком війни обсяг роботи, що надходить і виконується в секторі молекулярно-генетичних досліджень Запорізького науково-дослідного експертно-криміналістичного центру (НДЕКЦ) МВС України, істотно збільшився. Основний масив експертиз пов'язаний зі встановленням ДНК-профілів фрагментів тіл, ідентифікацією загиблих, встановленням профілів зниклих безвісти, визначенням родинного зв'язку виявлених залишків тіл і родичів, які втратили близьких. Фахівці сектора молекулярних досліджень Запорізького НДЕКЦ МВС України щотижня виконують 100–130 експертиз, і залишки за невиконаними матеріалами сягають понад 700 зразків, що здебільшого пов'язані з війною.

ДНК-аналіз ґрунтується на вивченні поліморфізму в молекулах ДНК різних індивідуумів. Усі люди належать до одного біологічного виду, тому генетична інформація однієї людини схожа на інформацію іншої більше ніж на 90 %. Метою ДНК-аналізу є саме дослідження відмінностей. Інформативність цього методу винятково велика, оскільки високий поліморфізм послідовностей ДНК робить її важливим джерелом ідентифікаційних ознак.

Оскільки у всіх клітинах людини молекула ДНК ідентична і зберігає свою індивідуальну структуру, інтерес для порівняльного аналізу становить будь-яка доступна субстанція організму, у якій міститься ДНК. Зручним інструментом для цього є STR-локуси: короткі тандемні повтори, зазвичай тетрануклеотидні. Вони містяться в гетерохроматині (некодуючій частині геному). Відмінність полягає у кількості однотипних повторів у локусі [14,15].

Молекулярно-генетична ідентифікація особи має низку переваг порівняно з традиційними серологічними методами дослідження. Зокрема йдеться про наявність молекули ДНК у всіх клітинах організму людини, високу стійкість структури молекули ДНК до впливу фізико-хімічних факторів довкілля, можливість встановлення походження біоматеріалу від певної особи в суміші біологічних слідів, можливість дослідження мікрослідів, можливість диференціювати змішані сліди (наприклад, сперму від епітеліальних клітин потерпілої в разі згвал-

тування), робити конкретні висновки щодо належності слідів певній особі.

Результати досліджень методом ДНК-аналізу дають підстави зробити висновок про походження певного сліду від конкретної особи з високою вірогідністю – 1 на сотні мільйонів людей.

Розрізняють два типи об'єктів дослідження молекулярної генетики: зразки (кров, сперма, слина, волосся, м'язова, кісткова та інші тканини людини, що містять клітини з ядрами) та сліди (речі, з якими мала безпосередній контакт жертва чи злочинець і на поверхні яких можуть потенційно бути клітини з ядрами).

Для встановлення ДНК-профілів біологічних слідів людини здійснили такі дослідження: виділення ДНК, реакцію ампліфікації (ПЛР), розділення ампліфікованих фрагментів ДНК за допомогою капілярного електрофорезу, детекцію результатів (встановлення ДНК-профілів клітинних елементів), аналіз результатів та встановлення ДНК-профілів.

Перший етап дослідження об'єктів – виявлення клітин з ядрами (у разі слідів виконують цитологічне дослідження: роблять змиви, готують препарати для мікроскопії). Далі необхідно вилучити з ядер молекулу ДНК і очистити від залишків клітин чи сторонніх домішок, що надалі можуть інгібувати ПЛР, призвести до деградації чи блокувати детекцію локусів.

Для цього використовують відповідно до кількості і якості наданого на експертизу біологічного матеріалу один із методів виділення. Якщо це зразок і матеріалу достатньо, то застосовують один із двох методів екстракції ДНК: протеїназну обробку з фенол-хлороформним очищенням або метод, заснований на застосуванні іонообмінної смоли «Chelex». Якщо біологічного матеріалу мало чи він має очевидні ознаки деградації або гниття, тоді застосовують дорожчі та складніші методи виділення з використанням наборів реактивів препфайлер і магнітних часточок чи нуклеоспін, чи виділення за допомогою спеціального пристрою (робота) методом препфайлерекспрес чи препфайлерБТІ, який дає змогу одночасно виділити 13 проб, при цьому мінімізуючи ризик контамінації об'єктів дослідження ззовні.

Наступна стадія дослідження ДНК передбачає застосування методу встановлення кількості та якості виділеної ДНК із біологічних слідів людини за допомогою приладу RealTime PCR systems. За допомогою цього обладнання експерт може оцінити стан і кількість виділеної ДНК для наступного встановлення ДНК-профілю мікрооб'єктів. Для дослідження використовують прилад «Applied Biosystems» 7300 RealTime PCR Systems.

ПЛР у реальному часі – лабораторний метод молекулярної біології, що дає змогу якісно і кількісно виміряти вміст специфічного фрагмента ДНК. Реактиви, необхідні для кількісного аналізу ПЛР у реальному часі, включені до одного комплекту «Quantifiler® Kit», що містить реакційну суміш ПЛР Quantifiler PCR ReactionMix, суміш праймерів QuantifilerR Human PrimerMix і стандарт людської ДНК. qPCR – підвид ПЛР, коли пробу ампліфікації

зразка аналізують під час кожного циклу, тобто спостерігають «у реальному часі». В основі цього дослідження – метод ПЛР, що ґрунтується на можливості отримання мільйонів копій ДНК-матриці, для нього необхідна дуже мала кількість ДНК, навіть із високим ступенем деградації. Теоретично, достатньо однієї клітини з ядром для успішної ідентифікації.

Під час реакції використовують два олігонуклеотидні праймери, що гібридизують з двома протилежно спрямованими ланцюгами ДНК і фланкують ділянку ДНК, яка цікавить експерта. Синтез нового ланцюга ДНК забезпечується термостабільними ДНК-полімеразами, що виділені з термофільних еубактерій. Повторюється серія циклів, що включає денатурацію вихідної матричної ДНК, відпал (реасоціацію) праймерів і ДНК, синтез (елонгацію) ланцюга ДНК термостабільною ДНК-полімеразою, що призводить до експоненційного накопичення специфічних фрагментів ДНК.

Продукти синтезу кожного циклу можуть бути матрицею в новому циклі. Відтак кількість цілеспрямовано синтезованих копій ДНК подвоюється в кожному циклі. У результаті цього процесу 20 циклів ПЛР дають майже 1 млн копій фрагмента ДНК, яку планують досліджувати.

Поліморфічні фрагменти містять різну кількість повторень зазначеної секвенції ДНК і відрізняються між собою за довжиною. Ця різниця за довжиною дає змогу їх розрізнити. Людина може мати в одному локусі максимум дві різні алелі – гетерозигота. Якщо в обох гомологічних хромосомах є фрагменти однакової довжини та нуклеотидної секвенції, це визначають як гомозиготу.

Після аналізу отриманих і оброблених програмою результатів для дослідження обирають об'єкти з низьким рівнем деградації та достатньою кількістю ДНК у пробі. Якщо апарат показав високий рівень деградації чи наднизьку кількість ДНК, наступне дослідження не доцільне, оскільки потенційно отримані результати будуть малоінформативними і недостовірними. Якщо в пробі велика концентрація ДНК, то пробу потрібно розвести; якщо концентрація нижча за норму, то треба сконцентрувати за допомогою системи «амікон», оскільки для наступного дослідження методом капілярного електрофорезу важливо потрапити в рамки аналізаційного інтервалу. Після нормалізації концентрації ДНК у пробах їх знову піддають процесу ампліфікації, тільки до проб ДНК додають реакційну суміш, що містить не тільки необхідну сировину для розмноження копій ДНК, але й кольорові праймери і кванчери, що приєднуються до країв фрагментів ДНК і потім «світяться» на детекторі під час капілярного електрофорезу.

У Запорізькому НДЕКЦ використовують два ДНК-аналізатори: восьмиканальний генетичний аналізатор «Applied Biosystems» 3500, що має вісім колонок і дає змогу аналізувати одночасно вісім об'єктів, та чотириканальний генетичний аналізатор «SeqStudio», що має чотири колонки й аналізує по чотири об'єкти.

Головним процесом у генетичному аналізаторі є капілярний електрофорез – спрямований рух молекул у

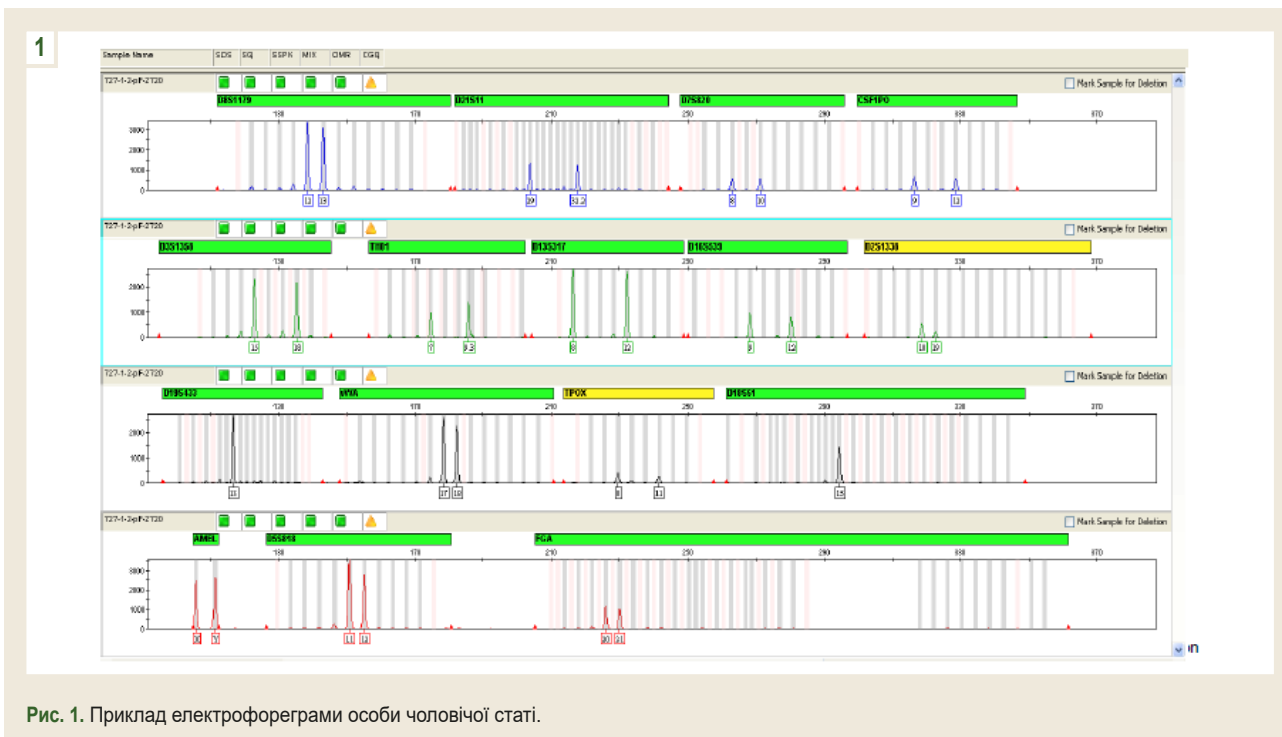


Рис. 1. Приклад електрофореграми особи чоловічої статі.

густому середовищі гелю під дією електричного поля. Електрофорез відбувається в капілярах, і тому має назву капілярний. Молекула ДНК внаслідок наявності фосфатних груп заряджена негативно, і тому рухається до анода (позитивно зарядженого електрода). Полімер, яким заповнений капіляр, густий і створює механічні перешкоди на шляху ДНК, вповільнює її рух. Коротші фрагменти проходять легше і швидше, ніж довші. Близьче до кінця капіляра встановлено камеру, що фіксує, коли повз неї проходить група молекул ДНК. У процесі ампліфікації використовують флуоресцентно мічені праймери. Якщо різні локуси мають однаковий розмір і одночасно дійдуть до вікна детекції, то розрізнити їх допомагає колір флуоресцентної мітки. Паралельно з пробою проходить леддер, з яким порівнюють пробу.

Проходячи по капіляру, часточки молекули ДНК (STR-локуси) підходять до вікна детекції, де лазер активує праймери-мітки, що починають світитися, прилад зчитує отриману інформацію і надає її у вигляді піків – електрофореграм.

Під час аналізу отриманих електрофореграм необхідно звернути увагу на чотири показники: висоту піків, їхню морфологію, поропління в бини і кількість піків у межах локусу. Якщо в межах локусу один пік прийнятної висоти та морфології, що потрапив у бін, то це гомозигота. Якщо в межах локусу два піки прийнятної висоти та морфології, що потрапили в бини, то це, ймовірно, гетерозигота. Щоб підтвердити результат необхідно перевірити гетерозиготний баланс. Якщо висота нижчого піка становить 60 і більше відсотків висоти вищого, то це гетерозигота, а якщо менше, то менший пік – артефакт. Якщо ж піків прийнятної висоти та морфології, що потрапили в бини в межах локусу, три і більше, то це суміш зразків від кількох осіб.

Розрізняють суміші, у яких можна відділити один генотип від іншого, якщо один із генотипів відомий (наприклад, уже раніше встановлений ДНК-профіль жертви), ті, в яких можна виділити домінуючий профіль за висотою піків (3:1), та ті суміші, в яких не можна відділити одного постачальника від іншого. Якщо один зі складників суміші «відомий» (наприклад, потерпілий), можна зробити висновок про походження домішки у суміші від задалегідь відомої особи (наприклад, при згвалтуваннях, коли досліджують тампони із вмістом піхви, змиви з тіла, піднігтьовий вміст). Роблячи висновок про походження домішки в суміші від відомої особи, експерт бере до уваги пропорцію змішування та гетерозиготний баланс (рис. 1).

Отримані й проаналізовані електрофореграми і змішаних профілів кількох осіб, і чистих профілів, що належать одній людині, використовують у наступних розрахунках.

Наприклад, у разі спірного походження дітей розглядають два випадки: спорідненість і батьківство. Спорідненість – випадок, коли чоловік і жінка мають на меті встановити, чи це їхня дитина. Обраховують імовірність випадкового успадкування локусу за кожним локусом.

Для гомозиготного локусу формула проста:

$$P = 2pk - pk^2.$$

Для гетерозиготного локусу формула складна:

$$P = p_1(2-p_1) + p_2(2-p_2) - 2p_1p_2,$$

де  $pk$ ,  $p_{1,2}$  – частоти виявлення алелів із профілю дитини.

Перемноживши імовірність випадкового успадкування локусу всіх локусів, одержують імовірність випадкового

успадкування сукупності генетичних ознак. Якщо отриману цифру відняти від одиниці і помножити на 100 %, то отримують відповідь щодо того, яка ймовірність того, що ця пара є батьками досліджуваної дитини, тобто ймовірність спорідненості.

Батьківство – випадок, коли визначають, чи є особа батьком для дитини. Процедура така сама, як попередня, крім того, що ймовірність випадкового успадкування локусу обраховують за простою формулою. Беруть до уваги лише алелі, успадковані не від матері. Складну формулу використовують, коли невідомо, яка з алелей не від матері.

Надалі всі отримані дані та профілі електрофореграм вносять до бази даних ДНК – ЦОГОЛ. Відповідно, далі відбувається перевірка для встановлення збігу щодо спорідненості, інформацію повідомляють в спеціальні органи, які займаються рештками.

## Обговорення

Молекулярна генетика дає важливі можливості і для медицини, і для криміналістики, особливо в умовах війни. Використання ДНК-аналізу дає змогу лікарям точніше діагностувати хвороби, що виникають у складних умовах, зокрема інфекції та поранення. Водночас генетичні методи ідентифікації мають критичне значення для встановлення особистості загиблих та розслідування злочинів війни.

Незважаючи на потужний потенціал молекулярної генетики, важливо наголосити на кількох викликах. По-перше, це доступність необхідної технології та матеріалів, особливо в зоні бойових дій, де медичні ресурси обмежені. По-друге, це питання етичного використання ДНК-даних у криміналістиці, оскільки необхідно забезпечити захист особистих даних жертв і підозрюваних. По-третє, висока вартість і складність досліджень, проблеми із замовленням і постачанням необхідних дефіцитних витратних матеріалів із-за кордону в умовах війни. Наголосимо, що розвиток технологій потребує постійної адаптації методик до нових умов, що стає викликом для фахівців.

## Висновки

1. Проаналізовано методи молекулярно-генетичної ідентифікації особистості з використанням ДНК-аналізу в криміналістичній практиці.

2. Здійснено оцінювання ефективності й точності ДНК-аналізу для вирішення завдань ідентифікації, а також його застосування в умовах складних біологічних зразків. Це важливо для забезпечення достовірності результатів ДНК-експертизи у контексті криміналістики.

3. Наступний розвиток молекулярних технологій необхідний для підвищення точності й ефективності і в медичній сфері, й у судово-криміналістичній практиці.

Перспективи подальших досліджень полягають у вдосконаленні методів ДНК-ідентифікації, особливо при надходженні складних біологічних зразків чи мікрокількостей

слідів. Зокрема, доцільним є розроблення чутливіших і надійніших методів виділення ДНК із деградованих матеріалів, що часто надходять із зони бойових дій або після стихійних лих.

**Конфлікт інтересів:** відсутній.

**Conflicts of interest:** authors have no conflict of interest to declare.

### Відомості про авторів:

Кучеренко Л. І., д-р фарм. наук, професор, зав. каф. фармацевтичної, органічної та біоорганічної хімії, Запорізький державний медико-фармацевтичний університет, Україна.

ORCID ID: 0000-0003-2229-0232

Павлюк І. В., канд. біол. наук, старший судовий експерт сектора дослідження наркотичних засобів, психотропних речовин та їх аналогів і прекурсорів відділу досліджень матеріалів і виробів, Запорізький науково-дослідний експертно-криміналістичний центр МВС України.

ORCID ID: 0000-0002-6423-8777

Хромильова О. В., д-р фарм. наук, професор каф. фармацевтичної органічної та біоорганічної хімії, Запорізький державний медико-фармацевтичний університет, Україна.

ORCID ID: 0000-0002-5274-9676

### Information about the authors:

Kucherenko L. I., PhD, DSc, Professor, Head of the Department of Pharmaceutical Organic and Bioorganic Chemistry, Zaporizhzhia State Medical and Pharmaceutical University, Ukraine.

Pavliuk I. V., PhD, Senior Judicial Expert in the Sector for the Study of Narcotic Drugs, Psychotropic Substances, their Analogues and Precursors in the Materials and Products Research Division, Zaporizhzhia Research Experimental Forensic Center of the Ministry of Internal Affairs of Ukraine.

Khromylova O. V., PhD, DSc, Professor of the Department of Pharmaceutical, Organic and Bioorganic Chemistry, Zaporizhzhia State Medical and Pharmaceutical University, Ukraine.

### References

- Stepaniuk R. Tekhnologii shvydkoho DNK-testuvannia: identyfikatsiia zherstv viiny ta vyrishennia inshykh zavdan rozsliduvannia. In: International and national security: theoretical and applied aspects. Proceedings of the 8<sup>th</sup> International scientific and practical conference [Internet]; 2024 Mar 15; Dnipro, Ukraine: DDUVS; 2024. p. 63-4. Ukrainian. Available from: <https://er.dduvs.edu.ua/bitstream/123456789/13856/1/17.pdf>
- Padyana UK, Rai HP, Ogeti P, Fadnavis NS, Patil GB. Predicting Disease Susceptibility with Machine Learning in Genomics. Letters in High Energy Physics. 2024; 2024:20-30. Available from: <https://lettersinhighenergyphysics.com/index.php/LHEP/article/view/550/250>
- Akhmedova VA. Rol molekuliarnoi biotekhnologii v rozrobtsi personalizovanoi medytyny: vid henetychnykh testiv do indyvidualizovanoi terapii [The role of molecular biotechnology in the development of personalized medicine: from genetic tests to individualized therapy]. In: Biotechnology of the 21st century. Proceedings of the 18th International scientific and practical conference [Internet]; 2024. p. 36-8. Ukrainian. Available from: <http://conf.biotech.kpi.ua/article/view/304166/296148>
- Duan H, Li X, Mei A, Li P, Liu Y, Li X, et al. The diagnostic value of metagenomic next-generation sequencing in infectious diseases. BMC Infect Dis. 2021;21(1):62. doi: 10.1186/s12879-020-05746-5
- Kavun S. [DNA Analysis: Place and Role in the System of Modern Criminalistics]. Pravnychi chasopys of the Vasyli' Stus Donetsk National University. 2023;(2):169-80. Ukrainian. doi: 10.31558/2786-5835.2023.2.19
- Stepaniuk R, Husieva V. [Organizational principles of DNA identification of victims of mass casualty emergencies]. Forensics Herald. 2023;39(1):29-38. Ukrainian. doi: 10.37025/1992-4437/2023-39-1-29
- Kostikov I, Mariiko V, Shcherbakova Y, Martynenko S, Sirivlia A, Sandalovych B, et al. [Molecular-genetic identification of persons who died during russian armed aggression against Ukraine: successes and challenges]. Forensics Herald. 2023;39(1):29-38. Ukrainian. doi: 10.37025/1992-4437/2023-39-1-10

8. Huseva VO. Pryznachennia sudovykh ekspertyz u kryminalnykh provadzhenniakh iz masovymy zhertvamy [The purpose of forensic examinations in criminal proceedings with mass victims]. In: Theory and practice of combating crime in modern conditions. Collection of abstracts of the international scientific and practical conference [Internet]; 2023 Nov 3; Lviv, Ukraine: LvDUVS; 2023. p. 80-4. Ukrainian. Available from: <https://dspace.univd.edu.ua/handle/123456789/19159>
9. Mishalov VD, Voichenko VV, Kozlov SV. [A complex approach to identifying the bodies of dead persons in the conditions of armed conflict]. Morphologia. 2022;16(3):76-82. Ukrainian. doi: [10.26641/1997-9665.2022.3.76-82](https://doi.org/10.26641/1997-9665.2022.3.76-82)
10. Dubonos KV. Subiekty ta poriadok vykorystannia baz biometrychnykh danykh pidrozdiliv Ekspertnoi sluzhby MVS Ukrainy [Subjects and procedure for the use of biometric databases of the subdivisions of the Expert Service of MIA of Ukraine]. Porivnialno-analitychne pravo. 2019;(5):364-7. Ukrainian.
11. Hamaliuk BM, Khodyrieva IT. Osoblyvosti provedennia sudovoi molekuliarnohenychnoi ekspertyz [Features of conducting forensic molecular genetic examination]. In: Implementation of human rights in the activities of law enforcement agencies under the occupation of Ukrainian territories. Proceedings of the 5th International scientific and practical conference [Internet]; 2022 Sep 30; Kryvyi Rih, Ukraine: DonDUVS; 2022. p. 276-9. Ukrainian. Available from: [https://dnuvs.ukr.education/wp-content/uploads/2023/07/zbirnyk\\_tez\\_konferencziyi\\_30\\_09\\_2022\\_proekt\\_31\\_10\\_22.pdf#page=276](https://dnuvs.ukr.education/wp-content/uploads/2023/07/zbirnyk_tez_konferencziyi_30_09_2022_proekt_31_10_22.pdf#page=276)
12. Hamaliuk B, Khodyrieva I. [Specific issues of legal regulation of forensic molecular genetic examination and accounting of human genetic traits]. Bulletin of Luhansk State University of Internal Affairs named after E. Didorenko. 2022;(2):190-201. Ukrainian. doi: [10.33766/2524-0323.98.190-201](https://doi.org/10.33766/2524-0323.98.190-201)
13. Rooney KM. DNA Extraction and Genotyping from Burned Skeletal Remains [thesis]. CUNY Academic Works. 2021. Available from: [https://academicworks.cuny.edu/jj\\_etds/208](https://academicworks.cuny.edu/jj_etds/208)
14. Kofanov AV, Kobylanskiy OL, Kofanova OS, Erhard NM. Kryminalistychno-pravovi aspekty zbyrannia, nakopychennia ta vykorystannia biometrychnykh danykh na prykladi indyvidualizuiuchoi informatsii biolohichnoho pokhodzhennia [Forensic and legal aspects of the collection, accumulation and use of biometric data on the example of individualizing information of biological origin]. Kryminalne pravo ta protsesy. 2021;1(9):84-96. Ukrainian. Available from: <http://ir.library-nmu.com/handle/123456789/2912>
15. Bazyliuk Z. [Evolution of DNA sequencing methods and prospects for their use in forensic DNA examination]. Young Scientist. 2020;(11):123-7. Ukrainian. doi: [10.32839/2304-5809/2020-11-87-27](https://doi.org/10.32839/2304-5809/2020-11-87-27)