



Порівняльна ефективність наборів PrepFiler™ Forensic DNA Extraction Kit і NucleoSpin® DNA Forensic у контексті виділення ДНК із проблемних зразків для STR-аналізу

Л. І. Кучеренко^{1,A,D,E,F}, Д. В. Зубрик^{2,A,C,E,F}, І. В. Павлюк^{2,A,B,C,D}, Г. Р. Німенко^{1,D,E}

¹Запорізький державний медико-фармацевтичний університет, Україна, ²Запорізький 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

У сучасній судово-експертній практиці молекулярно-генетичні дослідження відіграють надзвичайно важливу роль, особливо в умовах війни. ДНК-ідентифікація дає змогу встановити особу за слідами біологічного походження, що стало критично важливим для ідентифікації загиблих і зниклих безвісти. Ефективність таких досліджень істотно залежить від вибору оптимального методу виділення ДНК, що забезпечує достовірність і швидкість результатів. Тому вибір найбільш надійного, чутливого та ресурсоефективного методу екстракції ДНК стає не лише технічним, але й стратегічним завданням, що безпосередньо впливає на успішність розслідувань і зменшення кількості зниклих безвісти, а це надзвичайно важливо у гуманітарному вимірі сучасної війни.

Мета роботи – порівняльний аналіз двох комерційних наборів для ручного виділення ДНК – PrepFiler™ Forensic DNA Extraction Kit (Applied Biosystems) і NucleoSpin® DNA Forensic (Macherey-Nagel) – для визначення доцільності їх застосування для різних типів біологічних зразків, слідів і категорій експертного навантаження.

Матеріали і методи. Дослідження здійснили на основі аналізу зразків слідового біологічного матеріалу, зокрема плям крові, слини, тканинних фрагментів і слідів із поверхонь предметів. Для виділення ДНК застосували два набори реагентів – PrepFiler™ Forensic DNA Extraction Kit (Thermo Fisher Scientific) та NucleoSpin® DNA Forensic (Macherey-Nagel), по 100 реакцій для кожного. Екстракцію ДНК здійснили за протоколами, що надані виробниками. Якість і кількість виділеної ДНК визначено методом полімеразної ланцюгової реакції (ПЛР) у реальному часі за допомогою приладу Applied Biosystems 7300 Real-Time PCR System. Генотипування виконано методом капілярного електрофорезу на приладі Applied Biosystems 3500 Genetic Analyzer.

Результати. Порівняльний аналіз дав змогу встановити, що NucleoSpin® DNA Forensic є оптимальним для швидкої та зручної ізоляції ДНК із простих референсних зразків (слина, кров), де не відбувається значна деградація та немає інгібіторів. Він забезпечує достатню концентрацію ДНК за короткий час, проте під час роботи зі складними або деградованими зразками (особливо кістковими рештками) частіше визначали часткові STR-профілі. PrepFiler™ і, зокрема PrepFiler™ BTA, характеризувався вищою ефективністю за таких умов, забезпечивши повні профілі навіть у зразках, де є інгібітори або з ознаками тривалої деградації. Отже, його використання доцільне у криміналістичних випадках із проблемними зразками, попри вищу собівартість.

Висновки. Молекулярно-генетичні дослідження є ключовим інструментом у сучасній судово-експертній практиці, зокрема для ідентифікації особи за біологічними зразками. Застосування методів ДНК-ідентифікації на основі ПЛР сприяє високій точності та надійності експертизи у кримінальних і цивільних справах, а також відіграє важливу роль в ідентифікації загиблих і зниклих безвісти, особливо в умовах воєнного часу. Порівняльний аналіз двох комерційних наборів для ручного виділення ДНК – PrepFiler™ Forensic DNA Extraction Kit та NucleoSpin® DNA Forensic – показав, що обидва набори мають переваги і можуть бути ефективно використані залежно від типу біологічного матеріалу й умов здійснення експертизи. Вибір оптимального методу виділення ДНК істотно впливає на якість і кількість отриманого генетичного матеріалу, а отже визначає достовірність ДНК-профілювання та швидкість роботи експертної лабораторії.

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

Актуальні питання фармацевтичної і медичної науки та практики. 2025. Т. 18, № 3(49). С. 320-325

Comparative performance of PrepFiler™ Forensic DNA Extraction Kit and NucleoSpin® DNA Forensic Kit in the context of DNA extraction from problematic samples for STR analysis

L. I. Kucherenko, D. V. Zubryk, I. V. Pavliuk, H. R. Nimenko

In modern forensic practice, molecular genetic studies play an extremely important role, especially in wartime. DNA identification allows you to identify a person by traces of biological origin, which has become critically important for the identification of the dead and missing.

ARTICLE INFO



UDC 575.116.4:577.213/.215].088.7

DOI: [10.14739/2409-2932.2025.3.329294](https://doi.org/10.14739/2409-2932.2025.3.329294)

Current issues in pharmacy and medicine: science and practice. 2025;18(3):320-325

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

Received: 18.06.2025 // Revised: 05.08.2025 // Accepted: 22.08.2025

© The Author(s) 2025. This is an open access article under the [Creative Commons CC BY 4.0 license](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/)

The effectiveness of such studies largely depends on the choice of the optimal method of DNA extraction, which ensures the reliability and speed of results. In this regard, the choice of the most reliable, sensitive and resource-efficient method of DNA extraction becomes not only a technical but also a strategic task that directly affects the success of investigations and the reduction of the number of missing persons, which is extremely important in the humanitarian dimension of modern war.

Aim. Comparative analysis of two commercial kits for manual DNA extraction – PrepFiler™ Forensic DNA Extraction Kit (Applied Biosystems) and NucleoSpin® DNA Forensic (Macherey-Nagel) – to determine the feasibility of their use for different types of biological samples and traces and categories of expert workload.

Materials and methods. The study was conducted on the basis of the analysis of samples of trace biological material, in particular blood stains, saliva, tissue fragments and traces from the surfaces of objects. Two sets of reagents were used for DNA extraction: PrepFiler™ Forensic DNA Extraction Kit (Thermo Fisher Scientific) and NucleoSpin® DNA Forensic (Macherey-Nagel), 100 reactions each. DNA extraction was carried out according to the protocols provided by the manufacturers. The quality and quantity of the isolated DNA were determined by real-time polymerase chain reaction (PCR) using the Applied Biosystems 7300 Real-Time PCR System. Further genotyping was performed by capillary electrophoresis on the Applied Biosystems 3500 Genetic Analyzer.

Results. Comparative analysis showed that NucleoSpin® DNA Forensic is optimal for fast and convenient DNA isolation from simple reference samples such as saliva or blood, where no significant degradation or inhibitors are observed. It provides sufficient DNA concentration in a short time, however, in cases of working with complex or degraded samples (especially bone remains), partial STR profiles were more often observed. In contrast, PrepFiler™ and, in particular, PrepFiler™ BTA demonstrated better performance under such difficult conditions, providing complete profiles even in the presence of inhibitors or prolonged degradation. This makes it a reasonable choice for forensic cases with problematic samples, despite the higher cost.

Conclusions. Molecular genetic research is a key tool in modern forensic practice, in particular for identifying a person from biological samples. The use of DNA identification methods based on PCR ensures high accuracy and reliability of forensic examinations in criminal and civil cases, and also plays an important role in the identification of the deceased and missing, especially in wartime conditions. A comparative analysis of two commercial kits for manual DNA extraction – PrepFiler™ Forensic DNA Extraction Kit and NucleoSpin® DNA Forensic – showed that both kits have their advantages and can be effectively used depending on the type of biological material and the conditions of the examination. The choice of the optimal DNA extraction method significantly affects the quality and quantity of the obtained genetic material, which, in turn, determines the reliability of DNA profiling and the speed of the expert laboratory.

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

Current issues in pharmacy and medicine: science and practice. 2025;18(3):320-325

Молекулярно-генетичні дослідження є невід'ємною складовою сучасної судово-експертної практики, в основі якої – методи ДНК-ідентифікації з використанням полімеразної ланцюгової реакції (ПЛР) [1]. Це дає змогу ідентифікувати особу за зразками крові, сперми, волосся, залишками кісток та іншими слідами біологічного походження, що мають ядро та широко застосовуються в експертизах кримінальних і цивільних справ у всьому світі, зокрема і в Україні. ДНК-профілювання допомагає ідентифікувати особу, встановити біологічну спорідненість / батьківство, співвіднести частини тіла / кісткові рештки, визначити генетичну стать [2,3].

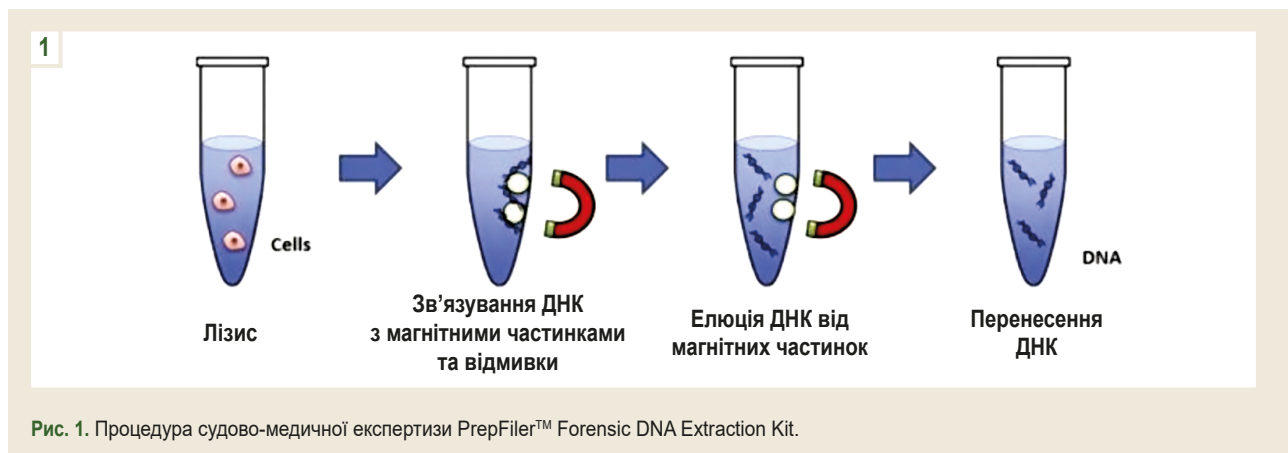
З початком війни обсяг роботи, що надходить і виконується у відділі біологічних досліджень та обліку Запорізького науково-дослідного експертно-криміналістичного центру, значно збільшився [4]. Основний масив призначених молекулярно-генетичних експертиз нині становлять не загальнокримінальні та цивільні справи, а ті, що пов'язані з ідентифікацією загиблих і безвісти зниклих осіб, ДНК-профілюванням фрагментів тіл, кісткових решток шляхом встановлення родинної належності за зразками від живих родичів, а також у разі прямого збігу «зразок – зразок» (якщо ДНК-профіль зразка особи попередньо внесено до електронного реєстру геномної інформації людини) [5,6].

Відділ біологічних досліджень та обліку Запорізького науково-дослідного експертно-криміналістичного центру щотижня виконує понад 140 молекулярно-генетичних експертиз. Отримані ДНК-профілі завантажують до

Електронного реєстру геномної інформації людини, де їх порівнюють із раніше встановленими генетичними ознаками невідомих тіл, решток загиблих, з ДНК-профілями родичів осіб, які мають статус зниклих безвісти. У разі виявлення збігу, а саме виявлення можливого успадкування генетичних ознак, оцінюють імовірність біологічної спорідненості з математичним підтвердженням родинного зв'язку [7]. Використання Електронного реєстру геномної інформації людини дало змогу оперативно здійснювати пошук збігів між імовірними родичами та невпізнаними трупами, що забезпечило можливість швидкої ідентифікації особи в найкоротші терміни [8]. Це значно підвищує ефективність роботи правоохоронних органів з ідентифікації невпізнаних тіл і пошуку зниклих безвісти, особливо в умовах війни.

ДНК-аналіз ґрунтується на вивченні поліморфізму (тобто відмінностей) у молекулах ДНК різних індивідумів [9]. Усі люди належать до одного біологічного виду, тому генетична інформація однієї людини схожа на інформацію іншої більше ніж на 90 %. Метою ДНК-аналізу є дослідження саме відмінностей [10].

Інформативність цього методу винятково велика, оскільки високий поліморфізм послідовностей ДНК робить її важливим джерелом ідентифікаційних ознак. Оскільки в усіх клітинах людини молекула ДНК ідентична і зберігає свою індивідуальну структуру, інтерес для порівняльного аналізу становить будь-яка доступна субстанція організму, що містить ДНК. Результати досліджень методом ДНК-аналізу дають змогу зробити



висновок про походження того чи іншого сліду від конкретної особи з високим ступенем вірогідності – один на сотні мільйонів людей [11,12]. Під час досліджень особливо ефективними стали STR-локуси – короткі tandemні повтори, переважно тетра nukлеотидного типу [13]. Вони містяться в гетерохроматині (некодувальній частині генома). Відмінність полягає у кількості однотипних повторів в локусі.

Нині молекулярно-генетичні дослідження з ДНК-профілювання здійснюють з використанням спеціальних наборів генетичної ідентифікації (наприклад, PowerPlex® Fusion 6C System виробництва фірми Promega Corporation), що дають змогу визначити 27 ділянок (локусів / маркерів) ДНК, включаючи статеву належність. Це сприяє найвищій достовірності під час встановлення біологічної спорідненості та ідентифікації невпізнаних тіл загиблих і зниклих безвісти.

STR-аналіз (Short Tandem Repeats) – загальноприйнятий метод ідентифікації особи у сфері криміналістики. Його ефективність критично залежить від якості та кількості ДНК, виділеної зі зразків, які часто мають слідовий характер (плями крові, слини, біологічні сліди на предметах). Такі зразки нерідко зазнають деградації, мають інгібітори або дуже обмежені за кількістю.

В умовах постійного збільшення кількості судово-генетичних експертиз актуалізується питання щодо вибору оптимального методу виділення ДНК, який забезпечує надійність результатів та ефективність лабораторної роботи [14]. Тому важливим стає обґрунтування вибору методу виділення ДНК. Застосування оптимального набору не лише підвищує імовірність отримання повного ДНК-профілю, але й впливає на ресурсну та часову ефективність лабораторії. В умовах війни, коли час і ресурси вкрай обмежені, саме ці аспекти стали ключовими критеріями оцінювання ефективності.

Мета роботи

Порівняльний аналіз двох комерційних наборів для ручного виділення ДНК – PrepFiler™ Forensic DNA Extraction Kit (Applied Biosystems) і NucleoSpin® DNA Forensic (Macherey-Nagel) – для визначення доцільності

їх застосування для різних типів біологічних зразків, слідів і категорій експертного навантаження.

Матеріали і методи дослідження

Дослідження здійснили на основі аналізу різних типів слідового матеріалу біологічного походження: плями крові, слини, зразки з тканин і сліди з поверхонь предметів. Кожен зразок обробляли паралельно за допомогою обох наборів: NucleoSpin® DNA Forensic (Macherey-Nagel), 100 реакцій; PrepFiler™ Forensic DNA Extraction Kit (Thermo Fisher Scientific), 100 реакцій. Під час роботи дотримувалися рекомендацій, що надані виробником, та брали до уваги результати валідованих досліджень.

За допомогою спеціального набору реагентів PrepFiler™ Forensic DNA Extraction Kit (для виділення ДНК із криміналістичних зразків) виділяли ДНК з об'єктів за відповідними рекомендованими протоколами (рис. 1) [15].

До об'єктів додавали по 300 мкл лізуючого буфера PrepFiler™ та по 3 мкл DTT (1 М), інкубували 40 хв на термошейкері за температури 70 °С. Переносили рідкий вміст до нових пробірок із фільтрувальними колонками та центрифугували по 2 хв при 16 000 g. Фільтрувальні колонки викидали. До лізатів додавали по 15 мкл магнітних часток, перемішували на вортексі та додавали 180 мкл ізопропанолу. Пробірки поміщали до термошейкера на 10 хв за кімнатної температури. Після цього пробірки струшували на вортексі та коротко центрифугували. Пробірки поміщали до магнітного штатива на 2 хв, потім, не виймаючи з нього, видаляли всю рідину. Додавали по 300 мкл буфера для відмивання, інтенсивно струшували на вортексі. Знов поміщали пробірки до штатива на 30 с і видаляли всю рідину. Відмивання повторювали тричі. Після третього разу зв'язану ДНК сушили протягом 7 хв. До пробірок додавали 50 мкл буфера для елюції ДНК та поміщали до термошейкера на 5 хв за температури 70 °С. Після цього пробірки струшували на вортексі, коротко центрифугували та поміщали до магнітного штатива на 1 хв. Потім, не виймаючи пробірки зі штатива, переносили розчини ДНК до нових пробірок. Після виконання всіх дій об'єкти були готові до тестування на визначення кількості та якості виділеної ДНК. Для

2



Рис. 2. Процедура судово-медичної експертизи NucleoSpin® DNA Forensic.

контролю чистоти реакції до виділених ДНК додавали 25 мкл бідистильованої деіонізованої води та лізуючий буфер – негативні контролю.

Виділення ДНК з об'єктів за допомогою спеціального набору реагентів NucleoSpin® DNA Forensic виконано за рекомендованими протоколами (рис. 2) [16].

До об'єктів додавали по 20 мкл протеїнази К, по 5 мкл розчину ТСЕР та 450 мкл буфера FOL (реактиви надані виробником), струшували на вортексі та інкубували 1 год на термошейкері за температури 56 °С. Пробірки струшували на вортексі та коротко центрифугували. До вмісту пробірок додавали по 580 мкл буфера FOB і струшували на вортексі. Рідкий вміст пробірок перенесли до колонок, які поміщали до збиральних пробірок і центрифугували по 1 хв при 11 000 g. Рідини зі збиральних пробірок видаляли, колонки знову поміщали до збиральних пробірок. До колонок додавали по 400 мкл буфера FOW1 і центрифугували 1 хв при 11 000 g. Рідини зі збиральних пробірок видаляли та знов поміщали колонки до збиральних пробірок. До колонок додавали по 400 мкл буфера FOW2 і центрифугували 1 хв при 11 000 g. Рідини зі збиральних пробірок видаляли та знов поміщали колонки до збиральних пробірок. Буфером FOW2 відмивали двічі. Центрифугували колонки по 2 хв при 11 000 g і викидали збиральні пробірки. Колонки поміщали до нових пробірок об'ємом 1,5 мл та додавали 50 мкл буфера FOE (70 °С). Інкубували по 1 хв за кімнатної температури, після цього центрифугували по 1 хв при 11 000 g. Після виконання всіх дій об'єкти були готові до тестування на визначення кількості та якості виділеної ДНК. Для контролю чистоти реакції до виділених ДНК також додавали 25 мкл бідистильованої деіонізованої води та лізуючі буфери – негативні контролю.

Після виділення оцінювали кількість і якість виділеної ДНК за допомогою приладу Real Time PCR systems, що дає змогу визначити стан і кількість виділеної ДНК для встановлення надалі ДНК-профілю. Під час дослідження використано прилад «Applied Biosystems» 7300 Real Time PCR Systems.

Полімеразна ланцюгова реакція (ПЛР) у реальному часі – лабораторний метод молекулярної біології, що дає змогу якісно і кількісно визначити вміст специфічного

фрагмента ДНК в об'єктах. В основі цього дослідження – метод ПЛР, що ґрунтується на можливості отримання мільйонів копій ДНК-матриці. Проби ампліфікації об'єктів беруть під час кожного циклу, тобто спостереження відбувається «в реальному часі».

Проаналізувавши отримані й оброблені програмою результати, об'єкти або розводили, або концентрували за допомогою системи «амікон» для подальшого дослідження методом капілярного електрофорезу, який виконували на восьмиканальному генетичному аналізаторі Applied Biosystems 3500. Головним процесом у генетичному аналізаторі є капілярний електрофорез – направлений рух молекул у густому середовищі гелю в капілярах під дією електричного поля.

Отримані електрофореграми аналізували з акцентом на чотирьох показниках, як-от висота піків, їхня морфологія, попадання в біни і кількість піків у межах локусу, чистота ДНК (співвідношення A260/A280) і придатність до STR-типуювання (кількість ампліфікованих локусів, ступінь повноти профілю).

Результати

NucleoSpin® DNA Forensic – швидкий у використанні та зручний набір для роботи з неускладненими зразками, що забезпечує достатню концентрацію ДНК за короткий час. Його використання доцільне, коли є високоякісні порівняльні зразки (наприклад, референсна слина чи кров), де ймовірність інгібіції та деградації низька. Проте кількість часткових неповних профілів, визначених з використанням цього методу, більша в разі роботи з деградованими зразками. Вартість однієї реакції орієнтовно становить 200 грн.

PrepFiler™ показав стабільно кращі результати при обробці складних слідів, зокрема деградованих або забруднених. Повнота STR-профілю та частота отримання результатів із високим інформативним навантаженням вища, особливо коли виявлено інгібітори. Втім, вартість однієї реакції вища (порівняно з методом NucleoSpin® DNA Forensic), становить приблизно 355 грн.

У більшості випадків, коли зразки мали низький ступінь деградації, обидва набори забезпечували придатні

Таблиця 1. Порівняння ефективності наборів PrepFiler™ Forensic DNA Extraction Kit і NucleoSpin® DNA Forensic

Показник	PrepFiler™ Forensic DNA Extraction Kit	NucleoSpin® DNA Forensic
Вартість	– (вища)	+ (доступніша)
Якість отриманих результатів (прості об'єкти)	+	+
Якість отриманих результатів (складні об'єкти)	+	–
Швидкість отримання результатів	– (довше)	+ (швидше)
Тип виділення	Магнітні частинки	Спін-колонки
Необхідність обладнання	Потрібен магнітний штатив або автомат	Стандартна центрифуга
Мінімальний об'єм зразка	Дуже низький (ефективний при малих кількостях)	Потребує дещо більшого об'єму
Забруднення інгібіторами ПЛР	Мінімальне	Можливе при складних матрицях
Сумісність з автоматизованими платформами	+(наприклад, AutoMate Express™)	+/- (залежить від платформи)
Термін зберігання реагентів	До 1 року за температури 2–8 °C	До 2 років за кімнатної температури
Простота використання	+(інтуїтивно зрозумілий протокол)	+
Кількість етапів у протоколі	Більше (багатокроковий протокол)	Менше (простий протокол)
Рівень втрат ДНК при виділенні	Мінімальний	Середній

до аналізу STR-профілі. Разом із тим, при роботі з кістковими рештками, що зазнали тривалого впливу умов довкілля, PrepFiler™ ВТА сприяв отриманню статистично достовірно кращих результатів. Порівняння ефективності наборів PrepFiler™ Forensic DNA Extraction Kit та NucleoSpin® DNA Forensic наведено в таблиці 1.

Обговорення

NucleoSpin® DNA Forensic є економічно вигіднішим варіантом, що забезпечує швидке і стабільне виділення ДНК під час роботи з типовими зразками: слиною, кров'ю на ватних тампонах чи слідами епітелію. Метод ґрунтується на спін-колонковій технології, що проста у виконанні та не потребує спеціального обладнання.

PrepFiler™ Forensic DNA Extraction Kit характеризується високою ефективністю під час роботи зі складними або деградованими зразками, включаючи біологічні матеріали, що містять інгібітори ПЛР (наприклад, ґрунт, тканини після гниття, старі плями крові). Завдяки магнітним частинкам та оптимізованим буферам, він забезпечує мінімальні втрати ДНК та високу чистоту екстракту, що є критично важливим для наступного генотипування.

Враховуючи постійне навантаження на ДНК-лабораторії та необхідність швидкого отримання результатів, важливо адаптувати вибір методу під тип зразку. Для рутинних зразків доцільним є використання NucleoSpin® – швидкого, зручного й більш економічно вигідного варіанта. У складних випадках (під час дослідження давніх слідів, зразків зі слідами розкладу або забруднення) оптимальним є застосування PrepFiler™ або комбінованого підходу, що включає його компоненти.

Крім того, оцінювання вартості дало змогу встановити, що хоча набір PrepFiler™ є дорожчим порівняно з NucleoSpin®, він має вищу ефективність під час роботи зі складними зразками, і це може бути аргументом для його вибору в критичних або пріоритетних випадках.

Результати дослідження можуть бути використані для обґрунтування диференційованого підходу під час планування закупівель, наприклад, комбінування наборів залежно від складності зразків для оптимізації витрат лабораторії без втрати якості аналізу.

Висновки

1. Проаналізовано сучасні підходи до молекулярно-генетичної ідентифікації особи із застосуванням ДНК-аналізу в судово-криміналістичній практиці, зокрема враховуючи реалії воєнного часу, коли збільшилася кількість експертиз, пов'язаних з ідентифікацією загиблих і безвісти зниклих осіб.

2. Вивчено ефективність двох комерційних наборів для виділення ДНК – PrepFiler™ і NucleoSpin® DNA Forensic. Встановлено, що PrepFiler™ забезпечує вищу якість результатів під час роботи зі складними зразками, а NucleoSpin® є економічно доцільнішим варіантом для стандартних порівняльних матеріалів.

3. Удосконалення методів молекулярної ідентифікації та адаптація лабораторних протоколів до типу зразка сприятимуть підвищенню точності, достовірності й оперативності ДНК-експертиз у криміналістиці. Диференційований підхід до вибору реагентів дасть змогу оптимізувати витрати без зниження якості аналізу.

Перспективи подальших досліджень полягають у розробці універсальних протоколів і наборів реагентів, що були б ефективними для різних типів біологічних матеріалів і могли би бути використані за різних умов, зокрема в польових. Це підвищить мобільність і гнучкість роботи судово-експертних лабораторій. Важливим напрямом є розвиток інтеграції баз даних ДНК, що сприятиме швидшому й точнішому пошуку збігів, особливо у разі масових катастроф або під час військових конфліктів.

Фінансування

Дослідження здійснено без фінансової підтримки.

Подяка

Серед фахівців, які здійснюють дослідження у межах ДНК-експертизи на базі Запорізького науково-дослідного експертно-криміналістичного центру, переважну більшість становлять випускники Запорізького державного медико-фармацевтичного університету, тому керівництво центру висловлює щирю подяку Навчально-науковому медико-лабораторному центру з віварієм і кафедри фармакології та медичної рецептури з курсом нормальної фізіології за їхній професіоналізм і високий рівень підготовки.

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

Зубрик Д. В., зав. відділу біологічних досліджень та обліку, Запорізький науково-дослідний експертно-криміналістичний центр МВС України.

ORCID ID: 0009-0004-2619-1463

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

Німенко Г. Р., канд. фарм. наук, доцент каф. фармацевтичної, органічної та біоорганічної хімії, Запорізький державний медико-фармацевтичний університет, Україна.

ORCID ID: 0000-0002-6486-5113

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.

Zubryk D. V., Head of the Department of Biological Research and Accounting, Zaporizhzhia Research Experimental Forensic Center of the Ministry of Internal Affairs of 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.

Nimenko H. R., PhD, Associate Professor of the Department of Pharmaceutical, Organic and Bioorganic Chemistry, Zaporizhzhia State Medical and Pharmaceutical University, Ukraine.



Людмила Кучеренко (Liudmyla Kucherenko)
podium@bigmir.net

References

- Kryvda L., Kryvda R. Henezys sudovo-medychnykh znan ta napriamy yikh vykorystannia v rozsliduvanni nasylnytskykh i koryslyvo-nasylnytskykh kryminalnykh pravoporushen [The genesis of forensic medical knowledge and directions of its use in the investigation of violent and selfish-violent criminal offenses]. *Law Herald*. 2021;(2):133-45. Ukrainian. doi: 10.32837/yuv.v0i2.2156
- Kavun S. [DNA Analysis: Place and Role in the System of Modern Criminalistics]. *Pravnychi chasopys of the Vasyl' Stus Donetsk National University*. 2023;(2):169-80. Ukrainian. doi: 10.31558/2786-5835.2023.2.19
- Alketbi SK. The role of DNA in forensic science: A comprehensive review. *Int J Sci Res Arch*. 2023;9(2):814-29. doi: 10.30574/ijsra.2023.9.2.0624
- Kucherenko LI, Pavliuk IV, Khromylova OV. [Molecular genetics is on the guard of the law]. *Current issues in pharmacy and medicine: science and practice*. 2025;18(1):57-63. Ukrainian. doi: 10.14739/2409-2932.2025.1.314270
- Kostikov IY, Mariiko VV, Shcherbakova YV, Martynenko SV, Sirivlia AI, Sandalovych BO, et al. [Molecular-genetic identification of persons who died during russian armed aggression against ukraine: successes and challenges]. *Forensis Herald*. 2023;(1):10-28. Ukrainian. doi: 10.37025/1992-4437/2023-39-1-10
- Stepaniuk R. [Rapid DNA analysis in the investigation of criminal offenses]. *Scientific Bulletin of Dnipro State University of Internal Affairs*. 2024;(2):247-54. Ukrainian. doi: 10.31733/2078-3566-2024-2-247-254
- Chong K, Thong Z, Syn CK. Recent trends and developments in forensic DNA extraction. *WIREs Forensic Sci*. 2021;3(2):e1395. doi: 10.1002/wfs2.1395
- Kofanov AV, Kobylanskyi OL, Kofanova OS, Erhard NM. [Forensic and legal aspects of collecting, accumulating and using biometric data on the example of individualizing information of biological origin]. *Dictum factum*. 2021;(1):84-96. Ukrainian. Available from: <http://ir.librarynmu.com/handle/123456789/2912>
- Bazyliuk ZH. [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
- Stepaniuk R, Husieva V. [Organizational principles of DNA identification of victims of mass casualty emergencies]. *Kryminalistychnyi visnyk*. 2023;(1):29-38. Ukrainian. doi: 10.37025/1992-4437/2023-39-1-29
- Hamaliuk BM, Khodyrieva IT. Osoblyvosti provedennia sudovoi molekuliarnohenychnoi ekspertyzy [Features of conducting forensic molecular genetic examination]. In: *Realizatsiia prav liudyny u diialnost-ti pravookhoronnykh orhaniv v umovakh okupatsii ukrainskykh terytorii*. Proceedings of the 5th International scientific and practical conference [Internet]; 2022 Sep 30; Donetsk State University of Internal Affairs; 2022. p. 276-9. Ukrainian.
- Husieva VO. Pryznachennia sudovykh ekspertyz u kryminalnykh provadzhenniakh iz masovymy zhertvamy [Ordering forensic examinations in criminal proceedings involving mass casualties]. In: *Teoriia ta praktyka protydii zlochynnosti u suchasnykh umovakh*. Collection of abstracts of the International scientific and practical conference [Internet]; 2023 Nov 3. Lviv, UA: Lviv State University of Internal Affairs; 2023. p. 80-4. Ukrainian. Available from: <https://dspace.univd.edu.ua/handle/123456789/19159>
- Tanudisastro HA, Deveson IW, Dashnow H, MacArthur DG. Sequencing and characterizing short tandem repeats in the human genome. *Nat Rev Genet*. 2024;25(7):460-75. doi: 10.1038/s41576-024-00692-3
- Rooney KM. DNA Extraction and Genotyping from Burned Skeletal Remains [dissertation on the Internet]. CUNY Academic Works; 2021. Available from: https://academicworks.cuny.edu/jj_etds/208
- Foley MM. Applied Biosystems™ PrepFiler™ Forensic DNA Extraction Kit (Manual and Semi-automated via AutoMate Express™). In: *Methods in Molecular Biology*. New York, NY: Humana Press Inc; 2023. p. 53-81. Available from: 10.1007/978-1-0716-3295-6_4
- Hudlow WR. NucleoSpin® XS Columns for DNA Concentration and Clean-Up. In: Goodwin W, editor. *Forensic DNA Typing Protocols Methods in Molecular Biology*. New York, NY: Humana Press; 2016. p. 125-9. Available from: 10.1007/978-1-4939-3597-0_9