

ВИКОРИСТАННЯ ДОСЯГНЕНЬ НАУКИ І ТЕХНІКИ В ЕКСПЕРТНІЙ ДІЯЛЬНОСТІ

THE USE OF SCIENCE AND TECHNOLOGY ACHIEVEMENTS IN FORENSIC ACTIVITY

УДК 343.982.325

DOI: 10.37025/1992-4437/2023-39-1-10

І. Ю. Костіков, доктор біологічних наук, професор,
судовий експерт сектору проведення стажувань,
валідаційних досліджень та технічної підтримки
відділу методичної та технічної підтримки
лабораторії біологічних досліджень,
Державний науково-дослідний експертно-
криміналістичний центр МВС України, м. Київ
ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-6071-7105>

В. В. Марійко, заступник завідувача відділу методичної
та технічної підтримки – завідувач сектору
проведення стажування, валідації досліджень
та технічної підтримки лабораторії біологічних досліджень,
Державний науково-дослідний експертно-
криміналістичний центр МВС України, м. Київ

Ю. В. Щербакова, кандидат біологічних наук,
завідувач відділу методичної та технічної підтримки
лабораторії біологічних досліджень,
Державний науково-дослідний експертно-
криміналістичний центр МВС України, м. Київ
ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-7423-3040>

С. В. Мартиненко, головний судовий експерт відділу адміністрування
електронного реєстру геномної інформації людини
лабораторії державної реєстрації геномної інформації людини,
Державний науково-дослідний експертно-
криміналістичний центр МВС України, м. Київ

А. І. Сірівля, завідувач відділу адміністрування електронного реєстру
геномної інформації людини
лабораторії державної реєстрації геномної інформації людини,
Державний науково-дослідний експертно-
криміналістичний центр МВС України, м. Київ

Б. О. Сандалович, головний судовий експерт сектору проведення досліджень
ядерної ДНК відділу молекулярно-генетичних досліджень
лабораторії біологічних досліджень,
Державний науково-дослідний експертно-
криміналістичний центр МВС України, м. Київ

Р. Г. Аббасов, заступник директора,
Державний науково-дослідний експертно-
криміналістичний центр МВС України, м. Київ

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧНА ІДЕНТИФІКАЦІЯ ОСІБ, ЗАГИБЛИХ ПІД ЧАС РОСІЙСЬКОЇ ЗБРОЙНОЇ АГРЕСІЇ ПРОТИ УКРАЇНИ: УСПІХИ ТА ПРОБЛЕМИ

Мета статті – на основі аналізу досвіду проведення молекулярно-генетичних експертиз установами Експертної служби МВС України висвітлити особливості проведення молекулярно-генетичної ідентифікації загиблих осіб в умовах російської збройної агресії проти України. **Методологія.** Застосовано загальнонаукові (емпіричні і теоретичні) та спеціальні методи молекулярно-генетичних досліджень. **Наукова новизна.** На основі порівняльного аналізу динаміки проведення молекулярно-генетичних експертиз з ідентифікації трупів нестворених осіб в установах Експертної служби МВС України у мирний період (2004–2013 рр.), період проведення антитерористичної операції, а згодом операції Об'єднаних сил на Сході України (2014–2021 рр.), з початку повномасштабної російської збройної агресії проти України (2022 р.) і дотепер розглянуто технічні, методичні та організаційні проблеми кожного періоду та досвід їх розв'язання. Акценти зроблено на аналізі викликів, зумовлених стрімким кількісним зростанням молекулярно-генетичних експертиз із ДНК-ідентифікації нестворених осіб (більш ніж на два порядки, порівняно з мирним періодом) та якісними змінами в проведенні судових експертиз. Основні якісні зміни стосуються характеру запитів, розмаїття станів первинного матеріалу, змін у техніці прободготовки, модифікаціях методів виділення ДНК, автоматизації лабораторного дослідження, вдосконалення ДНК-типуювання, зокрема за методами STR-аналізу та аналізу мітохондріального геному, впровадження експрес-методів ДНК-профілювання, запровадження автоматизованих систем пошуку збігів та оформлення висновків експертів. **Висновки.** Констатовано, що російсько-українська війна – чи не найбільший виклик для сучасної ДНК-ідентифікації. Засвідчено, що кількість невпізнаних трупів і родичів, що втратили своїх близьких, зростає щодня, створюючи чимраз більше навантаження на установи Експертної служби МВС України та інші державні спеціалізовані установи, що здійснюють судово-експертну діяльність. Аргументовано, що особливості вихідного трупного матеріалу для ДНК-ідентифікації у воєнний період полягають у значно більшому різноманітті станів ДНК, зокрема тих, що зумовлюють високі рівні деградації ДНК та більш високі рівні інгібіції ПЛР. Частково це пов'язано з циклічними процесами аеробного та анаеробного розкладу тканин трупів, які виникають внаслідок порушень традицій збереження та поховання загиблих із боку агресора. Приклад Експертної служби МВС України свідчить, що автоматизація процедур виділення ДНК, прободготовки для кількісно-якісного аналізу, нормалізації проб, використання найсучасніших технологій і приладів, а також науково обґрунтовані модифікації процедур і методів прободготовки, упровадження, адаптація позитивного світового досвіду, в цілому, дозволяє в контексті ідентифікаційних ДНК-досліджень відповідати на виклики часу, зумовлені російською агресією проти України. Наголошено, що Центральний облік генетичних ознак людини дозволяє ефективно проводити пошук збігів між імовірними родичами та невпізнаними трупами, забезпечує можливість ідентифікації в найкоротші строки навіть в умовах війни. Критичними в умовах війни постають насамперед проблеми, пов'язані із суттєвим скороченням часу оформлення висновку експерта. Значною мірою вони можуть бути розв'язані через гармонізацію роботи ініціаторів судових експертиз, судово-медичних експертів і судових експертів – молекулярних біологів, зокрема на етапах формування запитань у постановках на проведення судових молекулярно-генетичних експертиз та при відібранні зразків біологічного матеріалу – зразків із невпізнаних тіл (останків), родичів загиблих, зниклих безвісти.

Ключові слова: судова експертиза; молекулярно-генетичні дослідження; ДНК-ідентифікація; ДНК-профіль; прободготовка; генетичні ознаки; база даних ДНК.

Вступ

Російське вторгнення в Україну, супроводжуване масштабними порушеннями з боку агресора законів і звичаїв війни, спричинило стрімке зростання надходження до установ Експертної служби МВС України проваджень, у яких слідчі вповноважених органів ставлять питання, прямо чи опосередковано пов'язані з ідентифікацією загиблих осіб. Величезна кількість таких запитів зумовлена і високою активністю бойових дій із постійною зміною лінії фронту, унаслідок чого далеко не завжди є можливість (а ще й політична воля з боку агресора) забрати тіла загиблих одразу після завершення бойового зіткнення. Така ситуація спричинила появу типів людських останків, випадки дослідження яких у світовій практиці поодинокі, а також виникнення певних особливостей в роботі експерта із зазначеним матеріалом у

межах національного та міжнародного правового поля.

У процесі ідентифікації невідомих загиблих осіб на різних її етапах бере участь багато фахівців (see in particular Dubonos, 2019). Серед них судово-медичні експерти, судові експерти – молекулярні генетики, судді та інші учасники судового процесу, спеціалісти різного профілю, свідки та потенційні родичі загиблих, представники різних міжнародних, державних та недержавних установ тощо. Проте в абсолютній більшості випадків у прийнятті рішення про ідентифікацію особи вирішальним, а то й єдиним джерелом доказів є висновок судової молекулярно-генетичної експертизи, зроблений на основі дослідження ДНК останків загиблого, чию особу встановлюють, та його ймовірних родичів.

Особливості проведення експертних молекулярно-генетичних досліджень для ідентифікації

осіб, загиблих під час нової фази російської збройної агресії проти України починаючи з 24 лютого 2022 р., виклики та проблеми, які постали перед українськими судовими експертами, що беруть участь у ДНК-ідентифікації в умовах війни, унікальний для сучасного світу і рідкісний для мирного періоду досвід роботи з масовим матеріалом є основним предметом цієї статті.

Слід наголосити, що у світовій експертній практиці принципи молекулярно-генетичної ідентифікації особи у частині отримання первинних експериментальних даних універсальні і детально схарактеризовані в багатьох авторитетних світових підручниках із криміналістичного ДНК-аналізу (Butler, 2010, 2012; Goodwin et al., 2011; Shewale, & Liu (Eds.), 2013 ets.). Ґрунтуючись на цих принципах, процедура ідентифікації невідомої особи за її останками на основі аналізу ДНК передбачає такі етапи:

1. Відбір з останків невстановленої особи біологічного матеріалу.
2. Виділення з цього матеріалу ДНК та її очищення.
3. Визначення кількості виділеної ДНК, оцінювання ступеня її деградації та нормалізація концентрації.
4. Ампліфікація маркерних ділянок ядерної ДНК, насамперед локусів із короткими тандемними повторами (STR, від Short Tandem Repeats), значно рідше – маркерних послідовностей, що містять сайти з однонуклеотидним поліморфізмом (SNP, від Single-Nucleotide Polymorphism).
5. Проведення капілярного електрофорезу ампліфікованих локусів із STR, або секвенування ядерних чи мітохондріальних послідовностей ДНК, що містять SNP.
6. Аналіз отриманих електрофореграм STR-локусів та/або хроматограм нуклеотидних послідовностей із SNP, який завершується встановленням індивідуальних молекулярно-генетичних ознак трупа невідомої особи.
7. Депонування встановлених молекулярно-генетичних ознак (переважно ДНК-профілів STR-локусів і послідовностей із SNP) у базах даних генетичної інформації. Ці дані використовують для генерації базою вхідних запитів на пошук збігів із генетичними ознаками інших осіб або слідів, зокрема, можливих родичів неідентифікованої особи.
8. Пошук збігів установлених генетичних ознак невідомої особи з ознаками відомих осіб (зазвичай імовірних близьких родичів) або з біологічними слідами, виявленими на речах відомого власника. За результатами пошуку та аналізу збігів призначають порівняльну експертизу, яка на основі статистичних оцінок дає висновок щодо

остаточної ДНК-ідентифікації невідомої особи.

Отже, експериментальна частина дослідження з ідентифікації невідомої особи завершується отриманням унікального індивідуального ДНК-профілю особи за STR-локусами або послідовності з унікальними індивідуальними SNP, а аналітична частина – встановленням збігу експериментальних даних невідомої особи з даними про відомих носіїв споріднених або ідентичних генетичних ознак.

Наведені вище етапи молекулярно-генетичного дослідження універсальні для будь-якої експертизи з ідентифікації невідомої особи. Проте в умовах сучасної війни в Україні на кожному етапі простежуються специфічні риси, від яких залежить успіх процедури ідентифікації останків людей, які загинули внаслідок воєнних дій.

Наразі основним типом даних для індивідуальної ідентифікації невідомої особи є STR-профілі аутосомних локусів хромосом. Але за певних обставин для підтвердження та/або перевірки результатів ідентифікації може здійснюватися ДНК-профілювання STR-локусів, розміщених на Y-хромосомі, та визначатися нуклеотидна послідовність (сіквенс) мітохондріальної ДНК. В останньому випадку можуть досліджуватись або високо варіабельні регіони мітохондріальної ДНК (HVR1 і HVR2), або повний мітохондріальний геном. Дослідження Y-хромосоми дозволяє перевірити спорідненість між особами за чоловічою (батьківською) лінією, а інформація про нуклеотидну послідовність мітохондріальної ДНК використовується для перевіряння спорідненості за жіночою (материнською) лінією.

Водночас слід зазначити, у жодному разі не применшуючи здобутків інших експертних установ України, задіяних у молекулярно-генетичній ідентифікації останків невідомих осіб, загиблих під час масштабної російської агресії проти України, що саме на Експертну службу МВС України, яку представляє Державний науково-дослідний експертно-криміналістичний центр МВС України (ДНДЕКЦ МВС України) та 22 обласні експертні установи (НДЕКЦ МВС України) припадає основна маса молекулярно-генетичних експертиз, що стосуються ДНК-ідентифікації загиблих захисників України, цивільних громадян, а також трунів солдатів армії країни-агресора. Абсолютну більшість ДНК-експертиз у резонансних справах та експертиз із надзвичайно складним матеріалом виконують експерти ДНДЕКЦ МВС України. У 2009 р. молекулярно-біологічна лабораторія ДНДЕКЦ МВС України першою серед аналогічних лабораторій була акредитована за Міжнародним стандартом ISO/IEC 17025 «General requirements for the competence of testing and calibration

laboratories». Також важливо наголосити, що в Україні ДНК-експертизу вперше започатковано саме в Експертній службі МВС України; переважна більшість українських експертів – молекулярних біологів пройшли навчання і стажування в ДНДЕКЦ МВС України. Відповідно наразі Експертна служба МВС України має найбільший досвід із ДНК-ідентифікації. Водночас, слід констатувати, набутий досвід, зважаючи на реалії сьогодення, потребує ґрунтовного аналізування з огляду на певні успіхи та проблеми в цій галузі, що й зумовлює актуальність порушеної проблематики.

Мета й завдання дослідження

Мета статті – на основі аналізу досвіду проведення молекулярно-генетичних експертиз установами Експертної служби МВС України висвітлити особливості проведення молекулярно-генетичної ідентифікації загиблих осіб в умовах російської збройної агресії проти України.

Для досягнення поставленої мети потрібно виконати комплекс взаємопов'язаних завдань:

- проаналізувати динаміку кількості запитів на проведення ДНК-ідентифікації;

- визначити напрями подолання викликів, зумовлених російською агресією проти України, що постали перед Експертною службою МВС України в контексті ідентифікаційних ДНК-досліджень;

- розкрити можливості Центрального обліку генетичних ознак людини;

- висвітлити проблеми, пов'язані з оформленням висновку експерта;

- розглянути особливості вихідного трупного матеріалу для ДНК-ідентифікації у воєнний період.

Матеріали та методи

Фактичні дані, аналізовані нижче, отримано установами Експертної служби МВС України. Вони ґрунтуються на результатах виконання конкретних судових експертиз, із використанням стандартних (Abbasov et al., 2018) і модифікованих (Sirivlia et al. (Uklad.), 2023) методів молекулярно-генетичних досліджень, проведених у конкретних кримінальних провадженнях, переважно за ч. 2 ст. 438 (порушення законів та звичаїв війни поєднані з умисним вбивством) і ч. 3 ст. 110 (умисні дії, вчинені з метою зміни меж території або державного кордону України, які призвели до загибелі людей або інших тяжких наслідків) Кримінального кодексу України (КК України) – об'єктами досліджень є рештки загиблих українських військовослужбовців, цивільних громадян і солдатів армії країни-агресора. Згідно з нормами законодавства України, зокрема ст. 387 КК України, відомості, що стосуються оперативного-розшукової

діяльності та досудового розслідування, пов'язані з узагальненими в цій науковій статті судовими експертизами, не розголошуються. Усі наведені аналітичні результати викладено з неухильним дотриманням цієї вимоги.

Результати й обговорення

В Україні експериментальну частину дослідження з молекулярно-генетичної ідентифікації виконують відповідно до чинної Методики проведення молекулярно-генетичних досліджень (Abbasov et al., 2018), якою кожен етап процедури наведених вище визнаних у світовій експертній практиці етапів жорстко регламентовано. Але внаслідок російської агресії перед Експертною службою МВС України постали два рідкісні й для світової експертної практики виклики, відповідь на які зумовила стрімку еволюцію національної судової експертизи. Перший пов'язано з феноменальною для світової практики масовістю запитів на молекулярно-генетичну ідентифікацію невідомих осіб (рис. 1, 2), другий – із частим надходженням для експертизи надзвичайно складного для ДНК-аналізу матеріалу, успішне дослідження якого потребує пошуку нових наукових рішень, а також корегування регламентованих чинною методикою процедур.

1. Динаміка кількості запитів на проведення ДНК-ідентифікації

Дослідження з ідентифікації осіб за ДНК в Експертній службі МВС України розпочато 1999 р., коли для біологічних експертиз було придбано автоматичний однокапілярний генетичний аналізатор ABI 310 (рис. 3а), налаштований для роботи в режимі аналізатора STR-локусів. На цьому приладі вперше у вітчизняній практиці судової експертизи отримано ДНК-профіль людини. Для профілювання використано набір AmpF^{STR} Profiler Amplification kit виробництва Applied Biosystems, США (далі – Profiler), який надав змогу визначити склад алелів для 9 STR-локусів. Імовірність збігу отриманого ДНК-профілю з профілем випадкової людини (так звана дискримінаційна потужність) за оцінками науковців (Gill et al., 2015) становила 1:10000. Набір Profiler у комбінації з аналізатором ABI 310 до 2004 р. успішно застосований для ДНК-профілювання в ДНДЕКЦ МВС України у двох судових експертизах, які не стосувалися ідентифікації останків загиблих осіб.

У 2004 р. відбулися дві інноваційні події: Експертна служба МВС України отримала генетичний аналізатор нового покоління – чотирикапілярний аналізатор ABI 3100 Genetic Analyzer і перейшла на профілювання ДНК за допомогою нового мультиплексного набору AmpF^{STR}

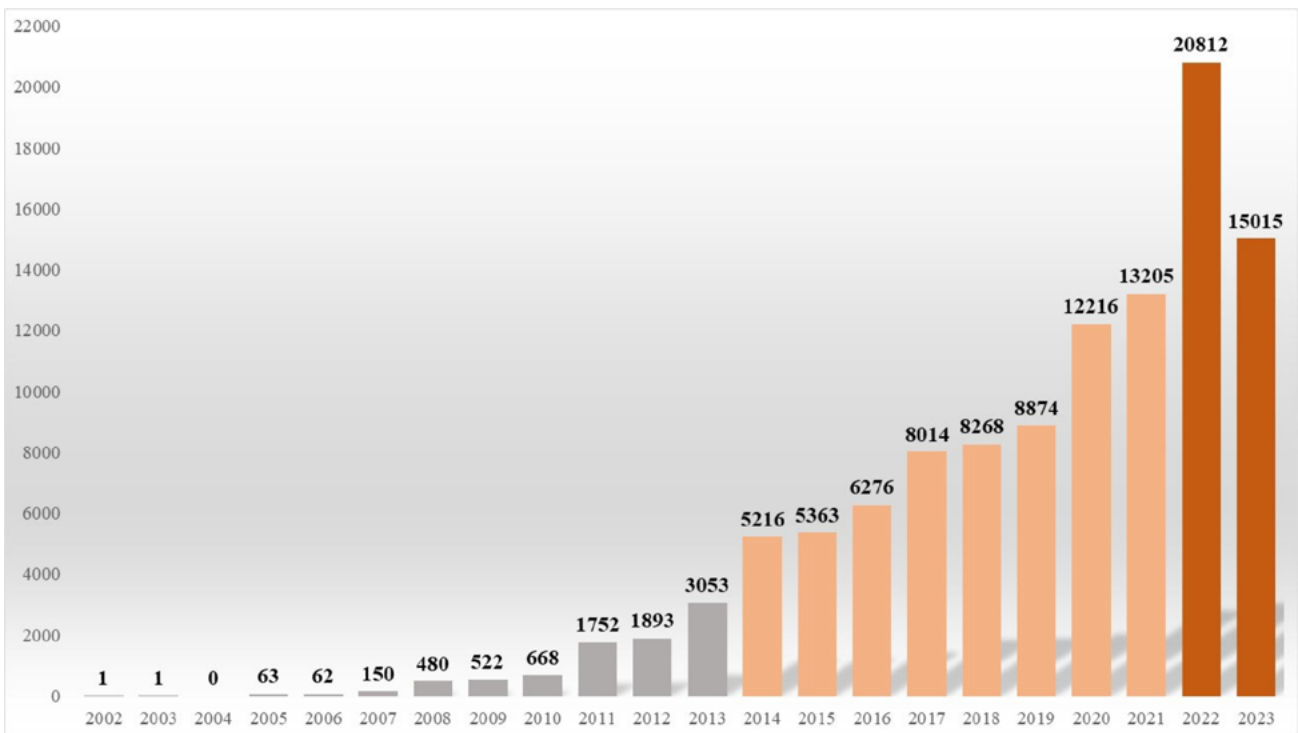


Рис. 1

Динаміка кількості призначених судових молекулярно-генетичних експертиз, установи Експертної служби МВС України, період 2002–2023 рр. (станом на 31 травня 2023 р.)



Рис. 2

Динаміка кількості поміщених до ЦОГОЛ ДНК-профілів за ідентифікаційними експертизами та іншими провадженнями, період 2002–2023 рр. (станом на 31 травня 2023 р.)

Identifiler (далі – Identifiler), який давав змогу отримувати ДНК-профіль для 16 локусів. Важливо, що у США із цього набору 13 локусів визначено обов’язковими для проведення судових експертиз і передбачено їх депонування в базі генетичної інформації CODIS. Дискримінаційна потужність за набором Identifiler, порівняно з Profiler, підвищи-

лась на чотири порядки і становила 1:100000000 (Bouabdellah et al., 2008), а паралельне одночасне аналізування чотирьох проб за допомогою аналізатора ABI 3100 у кілька разів зменшило час лабораторного дослідження за однотипних експертиз та експертиз із множиною об’єктів. Як наслідок, протягом лише 2005–2006 рр. ДНК-профілювання



Рис. 3

Автоматизовані та роботизовані системи, використовувані в установах Експертної служби МВС України для ідентифікаційних експертиз: а – однокапілярний генетичний аналізатор ABI 310 (1999–2004 рр.); б – восьмикапілярний генетичний аналізатор ABI 3500; в – автоматизована система RapidHIT; г – автоматизована система Automate Express; д – багатофункціональна роботизована система Hamilton ID STARlet; е – NGS-секвенатор IonTorrent; ж – система для автоматичної пробопідготовки Ion Chef Instrument; з – сучасний NGS-секвенатор Ion S5

застосовано в понад 120 експертизах, серед яких кілька з ідентифікації останків невідомих осіб.

Проте зазначимо, що як через надлишкову, так і недостатню концентрацію ДНК-мішеней ДНК-профілі часто були або «засмічені» артефактами, або з профілю випадали окремі алелі, а то й цілі локуси. Тому поставала потреба в додаткових дослідженнях із підбором оптимальних концентрацій зразка. У 2006 р. для визначення оптимальних для ДНК-профілювання концентрацій Експертна служба МВС України почала застосовувати процедуру нормалізації проби перед проведенням ампліфікації STR-локусів, для чого було опановано техніку ПЛР у реальному часі на ампліфікаторі Real-Time PCR System 7300 (Applied

Biosystems), який згодом замінили потужніші та сучасніші ампліфікатори Real-Time PCR System 7500 (Applied Biosystems) та QuantStudio™ 5 Real-Time PCR System (ThermoFisher).

За період 2007–2013 рр. установами Експертної служби МВС України проведено понад 8 тис. молекулярно-генетичних експертиз і отримано понад 14 тис. ДНК-профілів. Для депонування цих профілів та їхнього оброблення, зокрема й пошуку збігів, розроблено базу даних генетичної інформації людини – ЦОГОЛ (Центральний облік генетичних ознак людини). Упродовж зазначеного періоду, відповідно до записів цієї бази, за ДНК-профілями ідентифіковано понад 130 невідомих трупів. Частка ДНК-профілів за

ідентифікаційними експертизами, разом із профілями ймовірних родичів, у загальному спектрі всіх ДНК-профілів становила майже 1,5 %.

Зростання кількості експертиз з ідентифікації невідомих трупів визначило потребу пошуку додаткових інструментів для перевірки та підтвердження результатів ідентифікації, зумовлюючи впровадження в експертну практику секвенування за Сенгером високоваріабельних регіонів HVR1 і HVR2 мітохондріальної ДНК.

За період 2014–2021 рр. установами Експертної служби МВС України проведено 67 433 молекулярно-генетичні експертизи. Із них 4688 стосувались ідентифікації невідомих загиблих осіб і 7581 – їхніх родичів, тобто загалом 12 269 експертиз, пов'язаних із ДНК-ідентифікацією. Різке зростання кількості ідентифікаційних експертиз було зумовлено, зокрема, початком російської агресії проти України та розгортанням антитерористичної операції (АТО), а згодом операції Об'єднаних сил (ООС) на Сході України. Частка експертиз з ідентифікації загиблих людей, порівняно з мирним періодом, зростає в 9 разів – до 18 %. При цьому кількість таких експертиз за провадженнями, не пов'язаними з АТО та ООС, залишилась приблизно на довоєнному рівні (2 %).

Від початку повномасштабного збройного вторгнення російських військ в Україну лише за 15 місяців – до 31 травня 2023 р. Експертною службою МВС України проведено майже 35 тис. ДНК-експертиз (із них понад 24 тис. ДНК-експертиз у кримінальних провадженнях за фактом воєнних злочинів та за наслідками російської агресії проти України). За цей період до бази ЦОГОЛ унесено 9117 ДНК-профілів невідомих трупів і 23 614 ДНК-профілів родичів осіб, зниклих безвісти, тобто загалом 32 731 ДНК-профіль, що мали стосунок до ідентифікації невідомих осіб. Майже 98 % цих експертиз ініційовано у кримінальних провадженнях за ч. 2 ст. 438 і ч. 3 ст. 110 КК України. Отже, за 15 місяців від початку повномасштабного вторгнення РФ кількість ДНК-експертиз з ідентифікації загиблих у 2,5 раза перевищила кількість подібних експертиз, проведених за 8 років АТО та ООС. Середнє навантаження на установи Експертної служби МВС України, порівняно з періодом до 2014 р. (11 невідомих трупів на рік) і періодом АТО та ООС (586 трупів на рік), збільшилось у 663 і 12,4 рази і, відповідно, становило 7294 невідомі трупи на рік (рис. 1, 2).

Для порівняння: після війни в Югославії (1991–2001 рр.) із братських могил і неофіційних поховань ексгумовано останки 29 500 людей. Під егідою Міжнародної комісії з питань зниклих безвісти (ICMP, Гаага, Нідерланди) 2001 р. розпочато їхню ДНК-ідентифікацію, яка тривала

16 років. У результаті станом на 2017 р. ідентифіковано 17 тис. загиблих (57 % від загальної кількості невідомих тіл, у середньому 1063 загиблі особи на рік). При цьому до порівняльної експертизи було залучено зразки ДНК 90 тис. родичів (*DNA database management*, 2017).

Ще приклад: станом на 3 листопада 2021 р. у США було завершено 5141 справу з ідентифікації невідомих людських останків на основі ДНК-технологій, внесених до бази NamU, причому NamU відіграла безпосередню роль в ідентифікації 2325 загиблих із моменту відкриття доступу до бази NamU (Rodriguez et al., 2022).

2. Автоматизація лабораторної роботи як відповідь на зростання кількості ідентифікаційних експертиз

Підвищення ефективності молекулярно-генетичних досліджень і прискорення темпів їх проведення з одночасним зміцненням довіри до таких досліджень органів досудового розслідування зумовило стрімкий розвиток методичної і технічної бази ДНК-лабораторій установ Експертної служби МВС України в мирний період.

Так, у 10-ті рр. ХХІ ст. розпочато автоматизацію процесу виділення ДНК за допомогою приладів Automate Express (рис. 3г), у 2012 р. в лабораторну практику впроваджено більш потужні генетичні аналізатори ABI 3500 (8 капілярів, рис. 3б), а в 2018 – ABI 3500 XL (24 капіляри). Це значно пришвидшило виконання протоколу, оскільки дало можливість за один цикл отримувати ДНК-профілі 8 або 24 зразків і виділяти ДНК з 13 об'єктів одночасно. Така автоматизація спростила роботу експертів, пов'язану з дослідженням складних об'єктів, зокрема й решток невідомих трупів, які через рік, з початком проведення АТО та ООС, на дослідження надходили вже масово. Але, зважаючи на пов'язане з реаліями сьогодення феноменальне зростання кількості експертиз, потреба в упровадженні інструментів зі значно вищою ефективністю набула особливої гостроти.

Такими інструментами на початку повномасштабного вторгнення стали роботизовані автоматизовані комплекси Hamilton ID STARlet і QIAgility. Багатофункціональна роботизована система Hamilton ID STARlet (рис. 3д) дала змогу в автоматичному режимі виділяти ДНК одночасно з 96 об'єктів, здійснювати автоматизовану прободготовку до кількісно-якісного аналізу ДНК для ПЛР у реальному часі, а також проводити нормалізацію концентрацій виділеної ДНК та її прободготовку для ампліфікації STR-локусів. Система QIAgility дозволила автоматизувати будь-який процес, який потребує внесення та рознесення реагентів і рідин. Стимулом для опанування судовими

експертами цих приладів постало саме стрімке зростання кількості ідентифікаційних експертиз.

Крім автоматизації лабораторних процедур, щоб відповідати сучасним стандартам криміналістичної генетики, зважаючи на виклики, які постали перед Експертною службою МВС України під час АТО та ООС, судові експерти постійно тестували, апробували і запроваджували новітні та вдосконалювали окремі вже застосовувані методи молекулярно-генетичних досліджень. Наприклад, надходження великої кількості об'єктів, пов'язаних з ідентифікацією невпізнаних трупів (зразки трупів і зразки ймовірних родичів) зумовило використання в межах таких експертиз комерційного набору з вищим дискримінаційним потенціалом – Globalfiler (Applied Biosystems), який містить високоінформативний, із позиції ідентифікації, локус SE33, а згодом – PowerPlex Fusion 6C (Promega), зі ще двома подібними за інформативністю локусами – Penta E та Penta D (Ensenberger et al., 2016). Це значно підвищило дискримінаційний потенціал ДНК-ідентифікації, а використання автоматизованих і роботизованих систем QIAgility та Hamilton суттєво знизило часові витрати для проведення кількісно-якісного аналізу, ампліфікації та капілярного електрофорезу завдяки паралельному обробленню багатьох зразків у межах одного дослідження.

Водночас траплялося, що після апробації деякі методи відхилялися. Такою невдалою була спроба використання для ДНК-типифікації трупного матеріалу з ознаками глибоких гнилісних змін набору MiniFiler Kit, який унаслідок скорочення довжини мішені, згідно з описом виробника та випробуванням при аналізі зразків крові (Hill et al., 2007), дозволяв типувати 9 «важких» локусів, які зазвичай погано ампліфікуються у зразках із деградованою ДНК. Очікувалось, що завдяки комбінації результатів ампліфікації за допомогою MiniFiler і GlobalFiler перший зможе доповнити другий «важкими» локусами, що приведе до отримання більш повного комбінованого ДНК-профілю. Проте результати тестування комбінації цих наборів на остеодентальному матеріалі трупів із суттєвими ознаками гнилісних змін показали лише незначне зростання повноти комбінованого профілю (на 1–3 локуси), і не в усіх випадках. При цьому кількість процедур за ампліфікації та капілярного електрофорезу збільшилась удвічі, що створило логістичні проблеми для використання автоматизованих і роботизованих приладів. Як наслідок, MiniFiler не знайшов застосування в проведенні ідентифікаційних експертиз за остеодентальним матеріалом, і акцент був зроблений на вдосконаленні методів виділення слабодegradованої ДНК для її типифікації лише за допомогою

одного набору. Такий підхід повністю виправдав себе в умовах воєнного часу.

Зростання кількості матеріалу під час АТО загострило проблему підтвердження спорідненості останків загиблих військовослужбовців з імовірними родичами за батьківською лінією. Тому як додатковий метод було впроваджено дослідження STR-локусів на Y-хромосомі за допомогою наборів Yfiler (Applied Biosystems) та PowerPlex Y23 System (Promega), яке на початку 2022 р. вже стало рутинним.

Для підтвердження спорідненості за материнською лінією ще в мирний період Експертна служба МВС України почала застосовувати аналіз мітохондріальної ДНК за послідовностями високоваріабельних регіонів (HVR1 і HVR2) D-петлі на основі ферментативного секвенування за Сенгером. Проте під час АТО та ООС судові експерти ДНДЕКЦ МВС України опанували методи аналізу повного мітохондріального геному, використовуючи технології секвенування нового покоління (NGS-технології, від Next Generation Sequencing) (Voelkerding et al., 2009). Якщо секвенування за Сенгером дозволяло за один робочий цикл (майже 3 год) «прочитати» лише коротку послідовність ДНК – до 500–800 нуклеотидів (довжина мітохондріального геному людини становить близько 16,5 тис. пар нуклеотидів), то NGS-секвенування на платформі IonTorrent (іонне напівпровідникове секвенування) за такий самий час дає змогу «прочитати» послідовність до 5 млн нуклеотидів, тобто визначити послідовність повної мітохондріальної ДНК в 30 разів швидше.

Перший в Експертній службі МВС України повногеномний секвенатор на платформі IonTorrent – IonTorrent PGM™ (рис. 3е) дозволяв секвенувати одночасно до 8 зразків мітохондріальної ДНК. Проте через зростання потреби в підтвердженні спорідненості за материнською лінією наприкінці 10-х рр. XXI ст. для секвенування мітохондріальної ДНК судові експерти почали застосовувати більш потужний іонний напівпровідниковий NGS-секвенатор Ion S5 (рис. 3з) та систему для автоматичної пробопідготовки Ion Chef Instrument (рис. 3ж). Він дає змогу за один цикл «прочитати» повні мітохондріальні геноми у 24–32 зразках. Хоча секвенування повного мітохондріального геному, на відміну від STR-аналізу Y-хромосоми, ще не стало рутинною процедурою, проте в 2023 р. застосовується досить часто, і кількість повних мітохондріальних геномів українців, отриманих Експертною службою МВС України, наближається до 500.

Цікаво, що під час апробації секвенатора Ion S5 як контрольні зразки було використано ДНК двох вибірок українців – випадкова, представлена

працівниками ДНДЕКЦ МВС України, а також вибірка представників генетичного ізоляту українських лівобережних козаків. Попередній аналіз останньої засвідчив, що лівобережний давній козацький ізолят має більше рис спорідненості зі спектрами сучасного населення Західної, Центральної та Північної Європи, ніж зі спектрами населення європейської частини РФ.

Варто зазначити, що наявність інструментів NGS і досвіду їх використання дає змогу в майбутньому розширити спектр досліджень ДНК як під час ідентифікаційних експертиз, так і вирішуючи питання, що потребують аналізу повного геному конкретної людини.

Як зазначалося вище, ДНК-ідентифікація на завершальному етапі потребує порівняння встановлених молекулярно-генетичних ознак останків невідомої особи або з ознаками її ймовірних родичів, або ДНК-ознаками, що зберігаються на особистих речах зниклого безвісти. Встановлення молекулярно-генетичних ознак таких референтних об'єктів технологічно значно простіше, і процедури виділення ДНК, ампліфікації STR-локусів, капілярного електрофорезу та аналізу складу алелів можуть бути об'єднані в одну технологічну процедуру. Цю єдину процедуру в один крок можна виконати за допомогою систем для швидкого аналізу ДНК (Salceda et al., 2017). З початком повномасштабного російського вторгнення в Україну таку систему, як RapidHIT ID System (Applied Biosystems) широко застосовують в установах Експертної служби МВС України для ДНК-профілювання референтних зразків (переважно букального епітелію) імовірних родичів зниклих безвісти українців (рис. 3в). Застосування RapidHIT дозволило за 90 хв отримувати повний ДНК-профіль, здійснивши лише дві дії: помістити зразок біологічного матеріалу особи в картридж, останній вставити у прилад. Саме використання RapidHIT розв'язало проблему отримання тисяч референтних ДНК-профілів родичів зниклих безвісти людей, яка постала у воєнний період, що значно зменшило навантаження на повнопрофільні ДНК-лабораторії Експертної служби МВС України.

3. Еволюція методів виділення ДНК

У світовій експертній практиці для виділення ДНК розроблено 13 основних методів (Вікува et al., 2021) із багатьма варіантами – у різний час усі вони були щонайменше кілька разів застосовані у проведенні експертиз з ідентифікації невідомих осіб.

В Україні у мирний період для проведення судових експертиз на початку розвитку молекулярно-генетичних досліджень застосовували фенол-хлороформний метод (Abbasov et al., 2018).

Також було апробовано і рекомендовано до використання метод виділення ДНК шляхом повної демінералізації за допомогою набору All-tissue DNA-Extraction Kit. Gen IAL (2004) (Olkhovets, & Voitenko, 2008). Проте через трудомісткість і тривалість процедури виділення ДНК цей метод не знайшов подальшого поширення.

Незабаром замість фенол-хлороформного методу для роботи зі зразками крові, сперми, слини, букального епітелію широкого застосування набув швидкий і зручний метод виділення ДНК за допомогою іонообмінної смоли Chelex 100 (Walsh et al., 1991). Для виділення ДНК зі слідів і складних, переважно остеодентальних, зразків у практику експертних досліджень було впроваджено метод виділення ДНК на силікагелевих мембранах (Boom et al., 1990) із використанням наборів Qiagen Forensic DNA Investigator і NucleoSpin DNA Forensic і метод виділення ДНК на магнітних частинках (Tereba et al., 2001) із використанням наборів PrepFiler і PrepFiler BTA, які в період 2007–2011 рр. застосовувались, зокрема, і під час експертних досліджень з ідентифікації невідомих трупів. Обома методами – на силікагелевих мембранах і на магнітних частинках, що виявились ефективними, послуговувалися під час ідентифікаційних експертиз приблизно з однаковою частотою. Проте вони мали суттєвий недолік: усі операції виконувалися винятково в ручному режимі. Тому процедура виділення ДНК була досить тривалою.

Із придбанням 2012 р. системи Automate Express виділення ДНК на магнітних частинках за допомогою наборів PrepFiler Express і PrepFiler BTA Express було автоматизовано і становило основний метод у роботі з остеодентальним матеріалом і слідами біологічного походження.

Отже, наразі виділення ДНК для ідентифікації кісткових останків загиблих осіб проводиться за допомогою наборів PrepFiler і PrepFiler BTA із застосуванням автоматизованої системи Automate Express або роботизованої системи Hamilton; ДНК-профілі родичів загиблих отримують або в автоматичному режимі на аналізаторі RapidHIT ID System, значно рідше (переважно для аналізу ДНК на речах імовірного загиблого) ДНК виділяють у ручному режимі за допомогою іонообмінної смоли Chelex 100.

4. Автоматизація пошуку на збіги – друга відповідь на виклики війни

На початковому етапі становлення молекулярно-генетичної експертизи в Україні пошук збігів і порівняльні дослідження виконували лише в межах одного кримінального провадження, не потребуючи особливих інструментів і програмного

забезпечення. Проте зі зростанням кількості отриманих ДНК-профілів, а також завдань, що при цьому вирішувалися, проведення порівняльних досліджень винятково силами експертів ставало дедалі складніше, а часом майже неможливе. Тому постала потреба в розробленні певного програмного комплексу, який би надав змогу проводити пошук на збіги автоматично серед усіх ДНК-профілів, які було поміщено до бази такої програми.

Так, 2009 р. згідно з наказом МВС України «Про затвердження Інструкції з організації функціонування криміналістичних обліків експертної служби МВС» від 10 вересня 2009 р. № 390 було створено систему автоматизованого обліку генетичних ознак людини. Крім того, впроваджено в практику програмне забезпечення MCLab, що значно спростило процес оформлення висновків експерта, а також уможливило автоматичний пошук збігів між різними ДНК-профілями. Утім, застосовуючи це програмне забезпечення, можна було виявляти лише прямі збіги, такі як зразок-слід або слід-слід.

У 2013 р. до програми інтегровано додатковий модуль MCLab2, який дозволив також проводити автоматизований пошук збігів між особами прямої лінії споріднення (батьки-діти). Згодом його трансформовано в базу даних – Центральний облік генетичних ознак людини, що фактично став національним банком даних криміналістичної молекулярно-генетичної інформації.

Через модуль MCLab2 судові експерти надсилають первинні дані безпосередньо у ЦОГОЛ, який зберігає десятки тисяч ДНК-профілів, зокрема і зразки невідомих трупів та їхніх імовірних родичів. ЦОГОЛ в автоматичному режимі проводить пошуки прямих і родинних збігів у базі даних, за таких збігів повертає результати пошуків операторам ЦОГОЛ. Судові експерти – оператори ЦОГОЛ інформують ініціаторів експертиз про наявність підстав для призначення порівняльної експертизи, результати якої є підставою для винесення постанови про ідентифікацію особи.

6 лютого 2023 р. набув чинності Закон України «Про державну реєстрацію геномної інформації людини», який дозволив поміщати до ЦОГОЛ ДНК-профілі, встановлені в інших установах, а також значно розширив категорії типів ДНК-профілів, які підлягатимуть депонуванню в національній базі даних генетичних ознак людини (Електронному реєстрі геномної інформації людини).

5. Автоматизація оформлення висновку експерта

До 2009 р. висновки експертів оформляли у звичайних текстових редакторах, витрачаючи при

цьому багато часу. За збільшення кількості експертиз такий спосіб опрацювання документів засвідчив свою низьку ефективність, зумовлюючи необхідність запровадження інноваційних технологій.

Програмне забезпечення MCLab, використане, як уже зазначалося, установами Експертної служби МВС України з 2009 р., спростило процедуру оформлення висновку експерта завдяки застосуванню модульної системи, дозволивши, немов із будівельних блоків, розділ за розділом в інтерактивному режимі створювати висновок експерта. Крім того, усі обрані модулі та внесені у відповідні поля інформацію MCLab автоматично впорядковував у готовий до друку документ.

На відміну від лабораторного дослідження, порівняльно-пошукового оброблення встановлених молекулярно-генетичних ознак людини, інтерактивного способу набору висновку, за структурними компонентами процедура оформлення висновку експерта з 2009 р. майже не змінилася. Згідно з наказом МВС України «Про затвердження Інструкції з організації проведення та оформлення експертних проваджень у підрозділах Експертної служби Міністерства внутрішніх справ України» від 17 липня 2017 р. № 591 у висновку експерта має міститися багато інформації, висвітлення якої потребує від експерта більших витрат часу, ніж лабораторний або порівняльно-аналітичний складники дослідження.

Трапляється, додаткові труднощі постають і через неухважність ініціаторів під час оформлення документів про призначення судової експертизи, що часто сповільнює виконання судової експертизи, а то й загалом унеможлиблює її проведення. Такі питання набувають особливої гостроти в умовах війни, коли метою проведення судової експертизи є ідентифікація невідомих трупів.

6. Особливості «військового» трупного матеріалу, пов'язані з глибокими гнилісними змінами, та проблеми його дослідження

Головна проблема, що проявилася під час ідентифікації останків невідомих осіб саме в умовах війни, зумовлена, крім масовості матеріалу, який надсилають органи досудового розслідування (слідчі) для молекулярно-генетичної експертизи, його різноманітністю і різноякісністю. В абсолютній більшості випадків для експертизи надають трупний матеріал чотирьох умовних категорій:

а) останки українських військовослужбовців і цивільних українців, а також солдатів армії країни-агресора, вилучені з поля бою або місця загибелі протягом годин або перших кількох діб після загибелі і збережені у замороженому або глибоко охолодженому стані;

б) останки вбитих окупантами осіб, ексгумовані з індивідуальних або братських могил на звільнених від ворога територіях із відомими ознаками аеробного або анаеробного розкладу;

в) останки українських військовослужбовців, які залишилися на захопленій ворогом території або загинули в російському полоні і передані Україні переважно завдяки зусиллям міжнародних гуманітарних організацій;

г) останки військовослужбовців і цивільних осіб, які зазнали різного ступеня термічного впливу внаслідок вогневого ураження – згоріли в автотранспорті або в бойових броньованих машинах, загинули під час пожежі у власних будинках або громадських будівлях тощо.

ДНК-типування матеріалу категорії «а» зазвичай здійснюють без помітних ускладнень. Єдине, що може призвести до негативного результату у висновку експерта щодо можливості встановлення молекулярно-генетичних ознак, – контамінація. Рівень її загрози високий, якщо матеріал відбирають із м'яких тканин (наприклад коли виготовляють відбитки м'язів) або зі зразків залишків крові. У зразок, який підлягає експертному дослідженню, контамінуюча ДНК потрапляє найчастіше через порушення правил стерильності під час відбору матеріалу безпосередньо в морзі. Значно рідше контамінацію спостерігаємо внаслідок випадкових контактів тіла жертви з клітинним матеріалом сторонніх осіб під час загибелі або невдовзі після неї, коли роблять спробу надати першу допомогу, проводять огляд трупа або його переміщують. Усунути наслідки контамінації відбитків м'яких тканин або зразків крові технічно можливо, лише коли застосувати метод клонування виділеної ДНК (Alberts et al., 2002). Проте ця технологія у світовій експертній практиці через високу вартість, тривалість у часі, відсутність можливості для автоматизації наразі не використовується, затверджених методик для такої процедури немає, бракує, відповідно, і необхідних реактивів, обладнання, не створено умов для її застосування в експертних установах, зокрема й в Україні.

Загроза контамінації майже повністю усувається, якщо для експертного дослідження надають остеодентальний матеріал, оскільки пробопідготовка в разі виділення ДНК з кісток та зубів передбачає проведення процедури агресивної поверхневої деконтамінації матеріалу, зокрема й з використанням гіпохлориду та УФ-опромінення (Kemp, & Smith, 2005; Latham, & Miller, 2018).

ДНК-типування матеріалу категорії «б», хоча й передбачає дослідження останків із глибокими гнилісними змінами, переважно не є проблемним, якщо для експертизи надсилають

остеодентальний матеріал. Проте, якщо матеріал представлений м'якими тканинами або зразками залишків крові, ДНК в цьому випадку глибоко деградована, матеріал містить високі концентрації ендо- та екзогенних інгібіторів ПЛР та (особливо з масових поховань) контамінований короткими фрагментами ДНК інших жертв, причому деконтамінація такого матеріалу технічно неможлива.

Аналіз ДНК жертв за кістковими останками або зубами передбачає застосування універсальних методів екстракції ДНК для трупного матеріалу, розклад якого відбувався або в анаеробних, або в аеробних умовах і водночас супроводжувався повною або частковою адсорбцією трупної рідини ґрунтом. Негативний результат ДНК-типування в такому разі пов'язаний із ситуаціями, коли кісткова тканина виявляється імпрегнованою поліамінами, що перетворюються за розкладу білків і трансформації амінокислот на трупні отрути, зокрема на путресцин і кадаверин. Такі отрути є потужними інгібіторами ПЛР, які безпосередньо зв'язуються з ДНК-мішенями, і тому лише частково видаляються відмивними буферами, які входять до популярних наборів на зразок PrepFiler і PrepFiler ВТА.

Серія негативних результатів ДНК-типування матеріалу з братських могил і неофіційних поховань звільнених територій Харківської та Херсонської областей ініціювала розроблення в ДНДЕКЦ МВС України процедури дренажного відмивання остеодентального матеріалу в гіпертонічних розчинах. Застосування такого відмивання під час повторних експертиз дозволило отримати повні ДНК-профілі всіх загиблих осіб, за винятком тих, чий останки були обвуглені.

ДНК-типування матеріалу категорії «в». Прикладом слугували експертизи останків загиблих захисників Маріуполя, бійців з полку «Азов», убитих у полоні в Оленівці, останки цивільних, закатованих на тимчасово окупованих територіях. Проведення таких експертиз постало одним із найскладніших завдань. Зокрема, у результаті проведення понад 80 % експертних досліджень у первинних експертизах були закриті з негативним висновком про неможливість встановити генетичні ознаки загиблої особи через відсутність ДНК або її вкрай малу кількість і надзвичайно високий рівень деградації. При цьому по кожній експертизі судовий експерт здійснив не менше 9 (а в деяких випадках – до 18!) послідовних спроб виділення і типування ДНК невстановленої особи.

Особливістю матеріалу, яка визначала відсутність позитивного результату ДНК-типування, полягала у характері (точніше «варварському» характері) зберігання трупного матеріалу. Як впливало з наданих ініціаторами фабул, трупи

зберігались у поліетиленових пакетах, під дією температур зовнішнього середовища, часто – при відкритому складуванні. Як наслідок, весь матеріал перебував у стані глибоких гнилisних змін, в умовах тривалої імпрегнації трупними рідинами з високими концентраціями інгібіторів ПЛР, під впливом деградуючої дії ендогенних трупних та екзогенних бактеріальних і грибних ендо- та екзонуклеаз і гідролітичних ферментів, при періодичній зміні анаеробних та аеробних умов, спричинених порушенням цілісності пакетів та усадки складованого трупного матеріалу. Комбінація таких чинників надзвичайно рідкісна для кримінальних проваджень мирного часу, проте набула масового характеру саме в умовах війни, при цьому – через варварське ставлення російської сторони до останків загиблих людей. Варто зауважити, що при ДНК-типуванні трупів солдатів армії ворога, зібраних і збережених українською стороною, матеріал потрапляв до категорій «а» та «б», але не «в».

Для розв'язання проблеми ДНК-типування останків категорії «в» фахівці Експертної служби МВС України в пошуках рішення ґрунтувалися на теоретичних здобутках фундаментальної біології в галузі дослідження молекулярних механізмів мінералізації кісткової тканини, її мікроморфології та мікроанатомії, фізико-хімічних механізмів кристалізації гідроксіапатиту, тафономічних механізмів деградації ДНК при некрозі та апоптозі в поєднанні з практичним досвідом судових експертів ДНДЕКЦ МВС України та експертів ІСМР. Як наслідок, у квітні 2023 р. в ДНДЕКЦ МВС України був розроблений та апробований комбінований протокол пробопідготовки та виділення ДНК з деградованих кісткових решток, що зазнали суттєвих гнилisних змін. Саме застосування такого протоколу під час повторних експертиз надало змогу ідентифікувати загиблих захисників Маріуполя та вбитих у російському полоні в Оленівці бійців з полку «Азов». Навесні 2023 р. це викликало певний резонанс і зумовило низку публікацій у засобах масової інформації про факти успішної ідентифікації українських героїв по ДНК після передачі агресором їхніх останків через кілька місяців після загибелі.

Особливістю комбінованого протоколу, який відрізняє його від протоколів виділення ДНК з використанням наборів PrepFiler Express VTA та PrepFiler VTA, є застосування для ДНК-профілювання як мішені переважно ДНК остеоцитів, яка ізольована у кристалізованих остеоцитарних лакунах, завдяки чому зберігається в найменш деградованому стані. Ефективність комбінованого протоколу досягається поєднанням оригінальної процедури дренажу Гаверсових каналів та/або тра-

бекулярного простору гіпертонічним розчином із частковою демінералізацією кісткового порошку.

Сьогодні ДНК-типування матеріалу категорії «в» у разі застосування комбінованого протоколу здійснюється зі 100-відсотковою ефективністю.

7. Проблеми ідентифікації останків, що зазнали впливу високих температур

Наразі особливої гостроти набувають проблеми, що постають під час ДНК-ідентифікації невстановлених осіб за матеріалом категорії «г» – з останків, які зазнали руйнівного впливу високих температур, зумовлюючи найбільший відсоток ідентифікаційних експертиз із негативним результатом. Провадження, за якими ініціюють такі експертизи, найчастіше пов'язані із запитом на ідентифікацію, по-перше, цивільних осіб, які згоріли в автотранспорті або загинули в будівлях під час пожеж, спричинених обстрілами зі стрілецької зброї, артилерійських нальотів або ракетних ударів російських військ, і по-друге, військовослужбовців Збройних сил України, які загинули в бойових броньованих машинах унаслідок вогневого ураження агресором. Основним типом матеріалу при цьому є переважно залишки кісток і зубів загиблих.

За термічного впливу у ДНК спостерігаються суттєві фізичні та хімічні зміни, від яких залежить можливість отримання ДНК-профілю об'єкта експертного дослідження. Відомо, що ступінь змін ДНК визначається насамперед двома чинниками – температурою і тривалістю термічного впливу (Velzen et al., 2015). Так, традиційно вважають, що за температури 210 °С ДНК повністю руйнується через 2 год, а за температури 400 °С – менше ніж за 2 хв (Imaizumi, 2015).

Температура горіння, яка впливала на конкретні останки, ініціатору досліджень зазвичай невідома. Тому для експертної практики було запропоновано певні схеми орієнтовного визначення температури вигорання кісткового матеріалу за органолептичними ознаками (Schwark et al., 2011). Такі схеми ґрунтуються на спостереженнях, за якими зі зростанням температури кістка змінює забарвлення від нормального бежевого до коричнюватого, далі – до чорного, потім світлішає до сіро-блакитного кольору і, зрештою, білого, а також набуває крихкості і тріщинуватості внаслідок термічної втрати колагену.

Зміна кольору корелює зі змінами стану органічної речовини та вуглецю. Так, за температури горіння до 200 °С кістка зберігає бежевий колір і належить до категорії I – «добре збережена»; у діапазоні 200–300 °С (категорія II – «напівобвуглені») з'являються коричнюваті плями або спостерігається повна зміна кольору на коричнюватий; за

температури 300–350 °С кістка набуває чорного забарвлення, що свідчить про вигорання органічного вуглецю до мінерального карбону у формі вугілля (категорія III – «чорні обвуглені»); за температури горіння до 550–600 °С кістка стає синувато-сірою (категорія IV – «сіро-сині випалені»), молекулярний карбон окислюється до вуглекислого газу і випаровується; за температури понад 650 °С кістка повністю втрачає карбон і набуває білого забарвлення (категорія V – «білі випалені»); за такого вигорання зберігаються лише мінеральні солі (фосфати та карбонати гідроксіапатиту).

Кістки I та II категорій здебільшого зберігають помірно деградовану (I категорія) або сильно деградовану (II категорія) ДНК і дозволяють отримати ДНК-профілі – повні або часткові, відповідно. Кістки III категорії у виняткових випадках

мають ділянки, де зберігається ДНК, фрагментована до 200 нуклеотидних основ. З такого матеріалу ДНК-профілі отримати не вдається, за винятком деяких особливих випадків. З кісток IV та V категорій отримати ДНК в принципі неможливо, оскільки кістка в такому стані являє собою лише мінеральну структуру і органічної речовини, зокрема й ДНК, не містить (рис. 4).

Особливі ситуації, за яких експертам зрідка вдається отримати ДНК-профілі з обгорілих кісток III категорії, пов'язані з недостатньо дослідженим ефектом протекторної дії анаеробних умов за термічного впливу (Velzen et al., 2015; Rooney, 2021). Тимчасові анаеробні умови під час горіння виникають навколо кісток, оточених м'язовою тканиною, і ці ділянки довше зберігають ДНК. Виявлення таких ділянок під час вибору



Рис. 4

Кісткові останки, що зазнали впливу високих температур: а – навіть на обгорілих кісткових рештках категорії III («чорні обвуглені») інколи знаходять ділянки, де може зберігатися придатна для аналізу ДНК; на таких ділянках часто розвиваються цвілеві гриби;

б – вибір серед обвуглених кісток придатного для ДНК-аналізу матеріалу часто потребує залучення досвіду багатьох експертів; в – кісткові останки цивільної особи, яка згоріла у власному будинку під час пожежі внаслідок російського артилерійського обстрілу. Серед численних кісткових решток категорії III («чорні обвуглені», рис. 4г, ліворуч),

IV та V («сіро-сині випалені» та «білі випалені», рис. 4г, праворуч) експертами знайдено придатний для ДНК-типуння фрагмент із категорії II («напівобвуглені», рис. 4д), який відібрано для виділення ДНК

матеріалу для виділення ДНК наразі цілком визначаються практичним досвідом експерта.

Однією з можливих підказок щодо локальної ділянки з імовірно збереженою ДНК є наявність на поверхні кістки зон, де розвивається поверхневий грибний міцелій переважно у вигляді легкої білої цвілі. У такий спосіб, зокрема, вдалося виявити ДНК-вмісний матеріал та отримати ДНК-профілі з наборів обгорілих кісток III та навіть IV категорії останків людей, які згоріли в будинку в Макарівському районі Київської області, згоріли в автомобілі при спробі виїхати з окупованої Бучі, загинули під час пожежі після ракетного обстрілу торговельного центру в Кременчуці.

8. Адміністративно-управлінський виклик

З початком повномасштабного вторгнення Російської Федерації на територію України гостро постало питання непомірного навантаження на ДНК-лабораторії Експертної служби МВС України. Для їх розвантаження в 2022–2023 рр. у 13 установах Експертної служби МВС України впроваджено напрям молекулярно-генетичних досліджень (відкрито 1 повнопрофільну ДНК-лабораторію та 12 НДЕКЦ МВС України забезпечено системою RapidNIT ID). Отже, сьогодні в Експертній службі МВС України функціонують 10 повнопрофільних ДНК-лабораторій (у ДНДЕКЦ МВС України, Київському НДЕКЦ МВС України, Вінницькому НДЕКЦ МВС України, Волинському НДЕКЦ МВС України, Закарпатському НДЕКЦ МВС України, Запорізькому НДЕКЦ МВС України, Івано-Франківському НДЕКЦ МВС України, Львівському НДЕКЦ МВС України, Миколаївському НДЕКЦ МВС України та Харківському НДЕКЦ МВС України) і 13 установ можуть здійснювати молекулярно-генетичні дослідження зразків осіб за допомогою системи RapidNIT ID (Дніпропетровський НДЕКЦ МВС України, Житомирський НДЕКЦ МВС України, Кіровоградський НДЕКЦ МВС України, Одеський НДЕКЦ МВС України, Полтавський НДЕКЦ МВС України, Рівненський НДЕКЦ МВС України, Сумський НДЕКЦ МВС України, Тернопільський НДЕКЦ МВС України, Херсонський НДЕКЦ МВС України, Хмельницький НДЕКЦ МВС України, Черкаський НДЕКЦ МВС України, Чернівецький НДЕКЦ МВС України, Чернігівський НДЕКЦ МВС України).

Наукова новизна

На основі порівняльного аналізу динаміки проведення молекулярно-генетичних експертиз з ідентифікації трупів невстановлених осіб в установах Експертної служби МВС України у мирний період (2004–2013 рр.), період проведення АТО та ООС (2014–2021 рр.), з початку повномасш-

табної російської збройної агресії проти України (2022 р.) і дотепер розглянуто технічні, методичні та організаційні проблеми кожного періоду та досвід їх розв'язання. Акценти зроблено на аналізі викликів, зумовлених стрімким кількісним зростанням молекулярно-генетичних експертиз із ДНК-ідентифікації невстановлених осіб (більш ніж на два порядки, порівняно з мирним періодом) та якісними змінами в проведенні судових експертиз. Основні якісні зміни стосуються характеру запитів, розмаїття станів первинного матеріалу, змін у техніці пробопідготовки, модифікаціях методів виділення ДНК, автоматизації лабораторного дослідження, вдосконалення ДНК-типування, зокрема за методами STR-аналізу та аналізу мітохондріального геному, впровадження експрес-методів ДНК-профілювання, запровадження автоматизованих систем пошуку збігів та оформлення висновків експертів.

Висновки

1. Російсько-українська війна, що є найбільшим воєнним конфліктом від часів Другої світової війни, – чи не найбільший виклик для сучасної ДНК-ідентифікації. Кількість невпізнаних трупів і родичів, що втратили своїх близьких, зростає щодня, створюючи чимраз більше навантаження на установи Експертної служби МВС України та інші державні спеціалізовані установи, що здійснюють судово-експертну діяльність.

2. Особливості вихідного трупного матеріалу для ДНК-ідентифікації у воєнний період полягають у значно більшому різноманітті станів ДНК, зокрема тих, що зумовлюють високі рівні деградації ДНК та більш високі рівні інгібіції ПЛР. Частково це пов'язано з циклічними процесами аеробного та анаеробного розкладу тканин трупів, які виникають внаслідок порушень традицій збереження та поховання загиблих із боку агресора.

3. Приклад Експертної служби МВС України свідчить, що автоматизація процедур виділення ДНК, пробопідготовки для кількісно-якісного аналізу, нормалізації проб, використання найсучасніших технологій і приладів, а також науково обґрунтовані модифікації процедур і методів пробопідготовки, упровадження, адаптація позитивного світового досвіду, в цілому, дозволяє в контексті ідентифікаційних ДНК-досліджень відповідати на виклики часу, зумовлені російською агресією проти України.

4. Центральний облік генетичних ознак людини дозволяє ефективно проводити пошук збігів між імовірними родичами та невпізнаними трупами, забезпечує можливість ідентифікації в найкоротші строки навіть в умовах війни, коли кількість ідентифікаційних ДНК-експертиз,

порівняно з мирним часом, зросла більше ніж на два порядки.

5. Критичними в умовах війни постають на-самперед проблеми, пов'язані із суттєвим скороченням часу оформлення висновку експерта. Значною мірою вони можуть бути розв'язані через гармонізацію роботи ініціаторів судових

експертиз, судово-медичних експертів і судових експертів – молекулярних біологів, зокрема на етапах формування запитань у постановках на проведення судових молекулярно-генетичних експертиз та при відібранні зразків біологічного матеріалу – зразків із невпізнаних тіл (останків), родичів загиблих, зниклих безвісти.

References

- Abbasov, R. H., Povkh, A. S., & Romanchuk, S. M. (2018). *Metodyka provedennia molekuliarno-henetychnykh doslidzhen*. Kyiv: DNDEKTs MVS Ukrainy. 75 s. [in Ukrainian].
- Alberts, B., Johnson, A., Lewis, J., Raff, M., Roberts, K., & Walter, P. (2002). Isolating, Cloning, and Sequencing DNA. In *Molecular Biology of the Cell*. (4th ed.). New York: Garland Science.
- All-tissue DNA-extraction kit. GEN-IAL. (2004). Handbook for DNA-extractions. Troisdorf: Institute for applied laboratory analysis LTD. 16 p.
- Boom, R., Sol, C. J., Salimans, M. M., Jansen, C. L., Wertheim-van Dillen, P. M., & van der Noordaa, J. (1990). Rapid and simple method for purification of nucleic acids. *Journal of clinical microbiology*, 28(3), 495–503.
DOI: <https://doi.org/10.1128/jcm.28.3.495-503.1990>
- Bouabdellah, M., Ouenzar, F., Aboukhalid, R., Elmzibri, M., Squalli, D., & Amzazi, S. (2008). STR data for the 15 AmpFISTR Identifiler loci in the Moroccan population. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series*, 1(1), 306–308.
DOI: <https://doi.org/10.1016/j.fsigss.2007.10.123>
- Bukyaya, J. L., Tejasvi, M. L. A., Avinash, A., Chanchala, H. P., Talwade, P., Afroz, M. M., Pokala, A., Neela, P. K., Shyamilee, T. K., & Srisha, V. (2021). DNA Profiling in Forensic Science: A Review. *Global Medical Genetics*, 8(4), 135–143.
DOI: <https://doi.org/10.1055/s-0041-1728689>
- Butler, J. M. (2010). *Fundamentals of Forensic DNA Typing*. Elsevier Academic Press. 500 p.
DOI: <https://doi.org/10.1016/C2009-0-01945-X>
- Butler, J. M. (2012). *Advanced Topics in Forensic DNA Typing: Methodology*. Elsevier Academic Press. 680 p.
DOI: <https://doi.org/10.1016/C2011-0-04189-3>
- DNA database management. Review and recommendations. (2017). ENFSI DNA Working Group, April 2017. 85 p. <https://enfsi.eu/wp-content/uploads/2017/09/DNA-databasemanagement-review-and-recommendatations-april-2017.pdf>
- Dubonos, K. V. (2019). 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*, 5, 364–367 [in Ukrainian].
- Ensenberger, M. G., Lenz, K. A., Matthies, L. K., Hadinoto, G. M., Schienman, J. E., Przech, A. J., Morganti, M. W., Renstrom, D. T., Baker, V. M., Gawrys, K. M., Hoogendoorn, M., Steffen, C. R., Martín, P., Alonso, A., Olson, H. R., Sprecher, C. J., & Storts, D. R. (2016). Developmental validation of the PowerPlex® Fusion 6C System. *Forensic Science International: Genetics*, 21, 134–144.
DOI: <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2015.12.011>
- Gill, P., Haned, H., Bleka, O., Hansson, O., Dørum, G., & Egeland, T. (2015). Genotyping and interpretation of STR-DNA: Low-template, mixtures and database matches – Twenty years of research and development. *Forensic science international: Genetics*, 18, 100–117.
DOI: <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2015.03.014>
- Goodwin, W., Linacre, A., & Hadi, S. (2011). *An Introduction to Forensic Genetics*. (2nd ed.). Wiley-Blackwell. 216 p.
- Hill, C. R., Kline, M. C., Mulero, J. J., Lagacé, R. E., Chang, C. W., Hennessy, L. K., & Butler, J. M. (2007). Concordance study between the AmpFISTR® MiniFiler™ PCR amplification kit and conventional STR typing kits. *Journal of Forensic Sciences*, 52(4), 870–873.
DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1556-4029.2007.00491.x>
- Imaizumi, K. (2015). Forensic investigation of burnt human remains. *Research and Reports in Forensic Medical Science*, 5, 67–74.
DOI: <https://doi.org/10.2147/RRFMS.S75141>
- Kemp, B. M., & Smith, D. G. (2005). Use of bleach to eliminate contaminating DNA from the surface of bones and teeth. *Forensic Science International*, 154(1), 53–61.
DOI: <https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2004.11.017>
- Latham, K. E., & Miller, J. J. (2018). DNA recovery and analysis from skeletal material in modern forensic contexts. *Forensic Sciences Research*, 4(1), 51–59.
DOI: <https://doi.org/10.1080/20961790.2018.1515594>
- Olkhovets, S. O., & Voitenko, V. V. (2008). *Vydilennia DNK za dopomohoiu naboriv reahentiv «All-tissue DNA-Kit» (firmy GEN-IAL) ta QIAamp DNA Micro Kit (firmy QIAGEN): metod. rek*. Kyiv: DNDEKTs MVS Ukrainy. 15 s. [in Ukrainian].
- Rodriguez, A. L., Smiley-McDonald, H. M., Cummings, M. S., Wire, S., Slack, D., Williams, C. L., Keyes, K. A., & Rope-ro-Miller, J. D. (2022). Understanding unidentified human remains investigations through the United States census

- data. *Forensic Science International: Synergy*, 4, 100225.
DOI: <https://doi.org/10.1016/j.fsisyn.2022.100225>
- Rooney, K. M. (2021). DNA Extraction and Genotyping from Burned Skeletal Remains. *CUNY Academic Works*. https://academicworks.cuny.edu/jj_etds/208
- Salceda, S., Barican, A., Buscaino, J., Goldman, B., Klevenberg, J., Kuhn, M., Lehto, D., Lin, F., Nguyen, P., Park, C., Pearson, F., Pittaro, R., Salodkar, S., Schueren, R., Smith, C., Troup, C., Tsou, D., Vangbo, M., Wunderle, J., & King, D. (2017). Validation of a rapid DNA process with the RapidHIT® ID system using GlobalFiler® Express chemistry, a platform optimized for decentralized testing environments. *Forensic Science International: Genetics*, 28, 21–34.
DOI: <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2017.01.005>
- Schwark, T., Heinrich, A., Preusse-Prange, A., & von Wurmb-Schwark, N. (2011). Reliable genetic identification of burnt human remains. *Forensic Science International: Genetics*, 5(5), 393–399.
DOI: <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2010.08.008>
- Shewale, J. G., & Liu, R. H. (Eds.). (2013). *Forensic DNA Analysis: Current Practices and Emerging Technologies*. (1st. ed.). CRC Press. 445 p.
DOI: <https://doi.org/10.1201/b15361>
- Sirivlia, A. I., Kostikov, I. Yu., Sandalovych, B. O., Mariiko, V. V., Shcherbakova, Yu. V. (Uklad.). (2023). *Kombinovanyi protokol probopidhotovky ta vydilennia DNK z dehradovanykh kistkovykh reshtok, shcho zaznaly suttievkykh zmin: metod. rek.* Kyiv: DNDEKTs MVS Ukrainy. 24 s.
- Tereba, A. M., Bitner, R. M., Koller, S. C., Smith, C. E., Kephart, D. D., Ekenberg, S. J. (2001). *Simultaneous isolation and quantitation of DNA*. (CA 2379503 2002-02-14). Canadian Patent Application. <https://patents.google.com/patent/CA2379503A1/en?q=CA+2379503+2002-02-14>
- Velzen, I. V., Shaw, M., Raveendran, M., & Gonzalez-Rodriguez, J. (2015). Predictive Models as Screening Tools for DNA Recovery from Baked and Burned Porcine Bones. *Austin Journal of Forensic Science and Criminology*, 2(3), 1029. <https://austinpublishinggroup.com/forensicscience-criminology/fulltext/ajfsc-v2-id1029.pdf>
- Voelkerding, K. V., Dames, S. A., & Durtschi, J. D. (2009). Next-generation sequencing: from basic research to diagnostics. *Clinical Chemistry*, 55(4), 641–658.
DOI: <https://doi.org/10.1373/clinchem.2008.112789>
- Walsh, P., Metzger, D., & Higushi, R. (1991). Chelex 100 as a medium for simple extraction of DNA for PCR-based typing from forensic material. *BioTechniques*, 10(4), 506–513.

Список використаних джерел

- Аббасов, П. Г., Повх, А. С., & Романчук, С. М. (2018). *Методика проведення молекулярно-генетичних досліджень*. Київ: ДНДЕКЦ МВС України. 75 с.
- Alberts, B., Johnson, A., Lewis, J., Raff, M., Roberts, K., & Walter, P. (2002). Isolating, Cloning, and Sequencing DNA. In *Molecular Biology of the Cell*. (4th ed.). New York: Garland Science.
- All-tissue DNA-extraction kit*. GEN-IAL. (2004). Handbook for DNA-extractions. Troisdorf: Institute for applied laboratory analysis LTD. 16 p.
- Boom, R., Sol, C. J., Salimans, M. M., Jansen, C. L., Wertheim-van Dillen, P. M., & van der Noordaa, J. (1990). Rapid and simple method for purification of nucleic acids. *Journal of clinical microbiology*, 28(3), 495–503.
DOI: <https://doi.org/10.1128/jcm.28.3.495-503.1990>
- Bouabdellah, M., Ouenzar, F., Aboukhalid, R., Elmzibri, M., Squalli, D., & Amzazi, S. (2008). STR data for the 15 AmpFISTR Identifier loci in the Moroccan population. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series*, 1(1), 306–308.
DOI: <https://doi.org/10.1016/j.fsigs.2007.10.123>
- Bukuya, J. L., Tejasvi, M. L. A., Avinash, A., Chanchala, H. P., Talwade, P., Afroz, M. M., Pokala, A., Neela, P. K., Shyamilee, T. K., & Srisha, V. (2021). DNA Profiling in Forensic Science: A Review. *Global medical genetics*, 8(4), 135–143.
DOI: <https://doi.org/10.1055/s-0041-1728689>
- Butler, J. M. (2010). *Fundamentals of Forensic DNA Typing*. Elsevier Academic Press. 500 p.
DOI: <https://doi.org/10.1016/C2009-0-01945-X>
- Butler, J. M. (2012). *Advanced Topics in Forensic DNA Typing: Methodology*. Elsevier Academic Press. 680 p.
DOI: <https://doi.org/10.1016/C2011-0-04189-3>
- DNA database management. Review and recommendations*. (2017). ENFSI DNA Working Group, April 2017. 85 p. <https://enfsi.eu/wp-content/uploads/2017/09/DNA-databasemanagement-review-and-recommendatations-april-2017.pdf>
- Дубонос, К. В. (2019). Суб'єкти та порядок використання баз біометричних даних підрозділів Експертної служби МВС України [Subjects and procedure for the use of biometric databases of the subdivisions of the Expert Service of MIA of Ukraine]. *Порівняльно-аналітичне право*, 5, 364–367.
- Ensenberger, M. G., Lenz, K. A., Matthies, L. K., Hadinoto, G. M., Schienman, J. E., Przech, A. J., Morganti, M. W., Renstrom, D. T., Baker, V. M., Gawrys, K. M., Hoogendoorn, M., Steffen, C. R., Martín, P., Alonso, A., Olson, H. R., Sprecher, C. J., & Storts, D. R. (2016). Developmental validation of the PowerPlex® Fusion 6C System. *Forensic science international. Genetics*, 21, 134–144.
DOI: <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2015.12.011>
- Gill, P., Haned, H., Bleka, O., Hansson, O., Dørum, G., & Egeland, T. (2015). Genotyping and interpretation of STR-DNA:

- Low-template, mixtures and database matches – Twenty years of research and development. *Forensic science international: Genetics*, 18, 100–117.
DOI: <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2015.03.014>
- Goodwin, W., Linacre, A., & Hadi, S. (2011). *An Introduction to Forensic Genetics*. (2nd ed.). Wiley-Blackwell. 216 p.
- Hill, C. R., Kline, M. C., Mulero, J. J., Lagacé, R. E., Chang, C. W., Hennessy, L. K., & Butler, J. M. (2007). Concordance study between the AmpFℓSTR® MiniFiler™ PCR amplification kit and conventional STR typing kits. *Journal of Forensic Sciences*, 52(4), 870–873.
DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1556-4029.2007.00491.x>
- Imaizumi, K. (2015). Forensic investigation of burnt human remains. *Research and Reports in Forensic Medical Science*, 5, 67–74.
DOI: <https://doi.org/10.2147/RRFMS.S75141>
- Kemp, B. M., & Smith, D. G. (2005). Use of bleach to eliminate contaminating DNA from the surface of bones and teeth. *Forensic science international*, 154(1), 53–61.
DOI: <https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2004.11.017>
- Latham, K. E., & Miller, J. J. (2018). DNA recovery and analysis from skeletal material in modern forensic contexts. *Forensic sciences research*, 4(1), 51–59.
DOI: <https://doi.org/10.1080/20961790.2018.1515594>
- Ольховець, С. О., & Войтенко, В. В. (2008). Виділення ДНК за допомогою наборів реагентів «All-tissue DNA-Kit» (фірми GEN-IAL) та QIAamp DNA Micro Kit (фірми QIAGEN): метод. рек. Київ: ДНДЕКЦ МВС України. 15 с.
- Rodriguez, A. L., Smiley-McDonald, H. M., Cummings, M. S., Wire, S., Slack, D., Williams, C. L., Keyes, K. A., & Roper-Miller, J. D. (2022). Understanding unidentified human remains investigations through the United States census data. *Forensic Science International: Synergy*, 4, 100225.
DOI: <https://doi.org/10.1016/j.fsisyn.2022.100225>
- Rooney, K. M. (2021). DNA Extraction and Genotyping from Burned Skeletal Remains. *CUNY Academic Works*. https://academicworks.cuny.edu/jj_etds/208
- Salceda, S., Barican, A., Buscaino, J., Goldman, B., Klevenberg, J., Kuhn, M., Lehto, D., Lin, F., Nguyen, P., Park, C., Pearson, F., Pittaro, R., Salodkar, S., Schueren, R., Smith, C., Troup, C., Tsou, D., Vangbo, M., Wunderle, J., & King, D. (2017). Validation of a rapid DNA process with the RapidHIT® ID system using GlobalFiler® Express chemistry, a platform optimized for decentralized testing environments. *Forensic Science International: Genetics*, 28, 21–34.
DOI: <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2017.01.005>
- Schwark, T., Heinrich, A., Preusse-Prange, A., & von Wurmb-Schwark, N. (2011). Reliable genetic identification of burnt human remains. *Forensic Science International: Genetics*, 5(5), 393–399.
DOI: <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2010.08.008>
- Shewale, J. G., & Liu, R. H. (Eds.). (2013). *Forensic DNA Analysis: Current Practices and Emerging Technologies*. (1st. ed.). CRC Press. 445 p.
DOI: <https://doi.org/10.1201/b15361>
- Сірівля, А. І., Костіков, І. Ю., Сандалович, Б. О., Марійко, В. В., Щербакова, Ю. В. (Уклад.). (2023). Комбінований протокол пробопідготовки та виділення ДНК з деградованих кісткових решток, що зазнали суттєвих змін: метод. рек. Київ: ДНДЕКЦ МВС України. 24 с.
- Tereba, A. M., Bitner, R. M., Koller, S. C., Smith, C. E., Kephart, D. D., Ekenberg, S. J. (2001). *Simultaneous isolation and quantitation of DNA*. (CA 2379503 2002-02-14). Canadian Patent Application. <https://patents.google.com/patent/CA2379503A1/en?q=CA+2379503+2002-02-14>
- Velzen, I. V., Shaw, M., Raveendran, M., & Gonzalez-Rodriguez, J. (2015). Predictive Models as Screening Tools for DNA Recovery from Baked and Burned Porcine Bones. *Austin Journal of Forensic Science and Criminology*, 2(3), 1029. <https://austinpublishinggroup.com/forensicscience-criminology/fulltext/ajfsc-v2-id1029.pdf>
- Voelkerding, K. V., Dames, S. A., & Durtschi, J. D. (2009). Next-generation sequencing: from basic research to diagnostics. *Clinical Chemistry*, 55(4), 641–658.
DOI: <https://doi.org/10.1373/clinchem.2008.112789>
- Walsh, P., Metzger, D., & Higushi, R. (1991). Chelex 100 as a medium for simple extraction of DNA for PCR-based typing from forensic material. *BioTechniques*, 10(4), 506–513.

I. Kostikov, Dr. Sc. (Biology), Professor,
Forensic Expert of the Internship Sector,
Validation Studies and Technical Support
of the Methodological and Technical Support Department,
Biological Research Laboratory,
State Scientific Research Forensic Centre,
MIA of Ukraine, Kyiv, Ukraine
ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-6071-7105>

V. Mariiko, Deputy Head of Methodological and Technical Support –
Head of the Internship Sector, Validation Studies
and Technical Support of the Methodological and
Technical Support Department,
Biological Research Laboratory,
State Scientific Research Forensic Centre,
MIA of Ukraine, Kyiv, Ukraine

Yu. Shcherbakova, Cand. Sc. (Biology),
Head of the Methodological and Technical Support Department,
Biological Research Laboratory,
State Scientific Research Forensic Centre,
MIA of Ukraine, Kyiv, Ukraine
ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-7423-3040>

S. Martynenko, Chief Forensic Expert of the Administration
of Electronic Registry of Human Genomic
Information Department,
Laboratory of State Registration
of Human Genomic Information,
State Scientific Research Forensic Centre,
MIA of Ukraine, Kyiv, Ukraine

A. Sirivlia, Head of the Administration
of Electronic Registry of Human Genomic
Information Department,
Laboratory of State Registration
of Human Genomic Information,
State Scientific Research Forensic Centre,
MIA of Ukraine, Kyiv, Ukraine

B. Sandalovych, Chief Forensic Expert of the Nuclear DNA Research Sector
of the Molecular Genetic Research Department,
Biological Research Laboratory,
State Scientific Research Forensic Centre,
MIA of Ukraine, Kyiv, Ukraine

R. Abbasov, Deputy Director,
State Scientific Research Forensic Centre,
MIA of Ukraine, Kyiv, Ukraine

MOLECULAR-GENETIC IDENTIFICATION OF PERSONS WHO DIED DURING RUSSIAN ARMED AGGRESSION AGAINST UKRAINE: SUCCESSSES AND CHALLENGES

The purpose of the article is to highlight main DNA identification problems caused by Russian invasion of Ukraine, based on forensic experience of DNA typing in the units of the Expert Service of the Ministry of Internal Affairs (MIA) of Ukraine. *Methodology*. General scientific methods (both empiric and theoretical), as well as special methods of molecular biology and genetics, were used. *The scientific novelty*. The article examines and compares technical, methodical and organizational problems of DNA identification that arose during three different time frames, as well as the solutions that were used to solve these problems. Three time periods were reviewed: the period before the beginning of Anti-Terrorist Operation (ATO) (2004–2013); the period of ATO and Joint Forces Operation (2014–2021); the period from the beginning of the full-scale Russian invasion to the present days. The main themes of the

article are issues related to the rapid increase in the number of challenging disaster victim identification (DVI) cases which are submitted to the units of the Expert Service of MIA, as well as ways to improve and modernize existing work protocols to overcome these challenges. These upgrades include changing the sample collection process, modifying DNA extraction protocols, automation of the laboratory workflow, upgrading the STR and mitochondrial DNA analysis, implementing rapid-DNA technologies and using automated DNA databases to find matches. **Conclusions.** The Russo-Ukrainian war is one of the biggest, challenge of modern DNA profiling in context of DVI. The number of unidentified human remains and samples collected from relatives of the missing persons continues to grow every day. This causes more pressure on the units of the Expert Service of MIA and other forensic institutions of Ukraine. Highlighted that due to the different states of war-related human remains, DNA extracted from these remains may have different quality problems, such as high degradation and the presence of a wide range of PCR inhibitors. These problems are partly related to the Russian side's violation of the conditions for the storage of unburied bodies, which leads to cycles of aerobic and anaerobic decay of body tissues. The experience of the Expert Service of MIA shows that automation of such workflow steps as extraction, PCR and normalization preparation as well as the use of up-to-date instruments and technics, in addition to the modification of existing protocols, allows to face and overcome all present challenges in DNA typing, caused by Russian aggression against Ukraine. The National DNA Database allows efficient searches for matches between possible relatives and unidentified human remains. This allows quick identification of unburied bodies, despite the difficult conditions of war. But due the wartime, the problems related to the time spent by forensic expert on drawing up a forensic report, become especially important. This problem can be solved with harmonization between investigators, forensic medical experts and forensic DNA experts. This issue especially appears at such stages as the formulation of questions in the documents submitted by investigators to forensic DNA experts and during the collection of ante-mortem (AM) samples, post-mortem (PM) samples and reference samples of relatives of missing persons.

Keywords: forensic; DNA typing; DNA profile; sample preparation; genetic information; DNA database.