

ДНК-Крим Идентификация Объекта

установление происхождения объекта от лица/лиц

ДНК-Крим Идентификация Объекта- предназначена для исследования происхождения следов ДНК. Программа рассчитывает вероятности гипотез происхождения объекта.

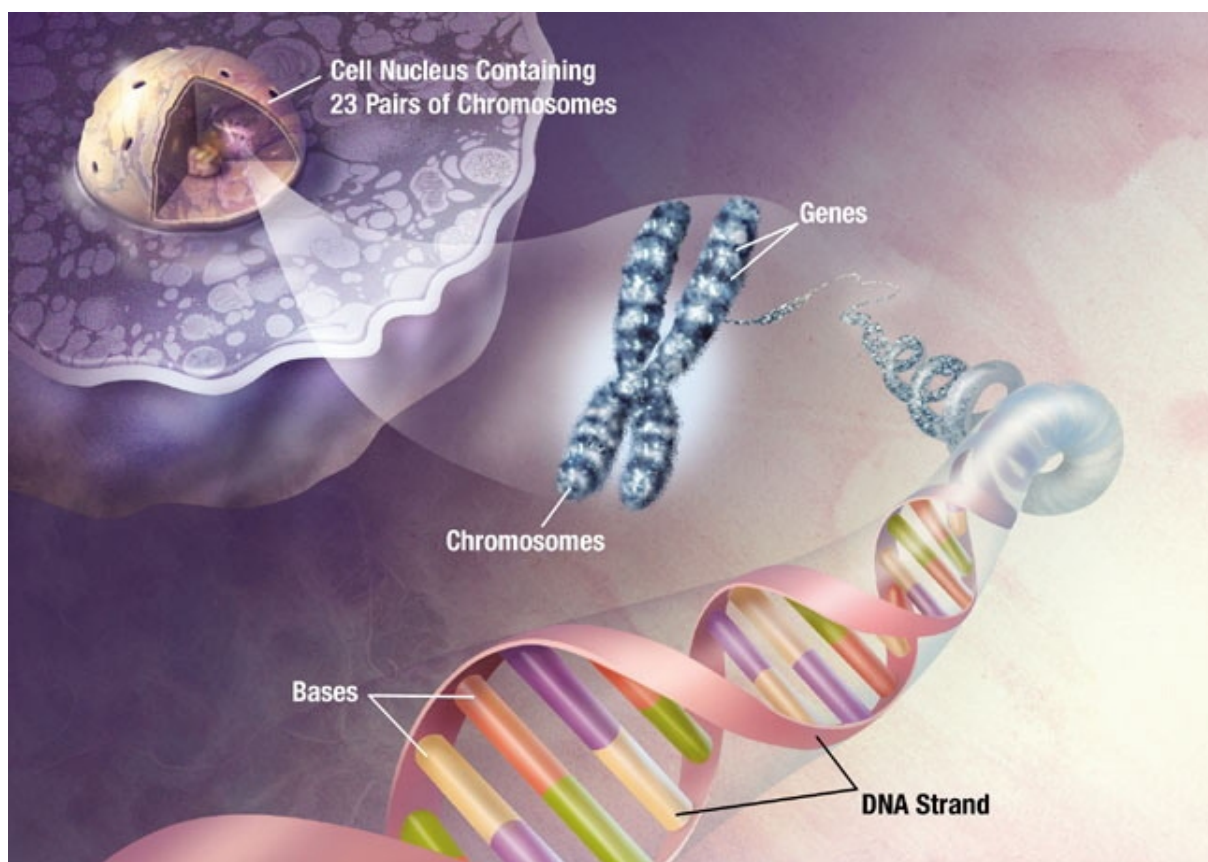
Возможности ДНК-Крим:

Создание формул для локусов
Расчет вероятности гипотез
Оценка идентификационной значимости гипотезы
Отчет проведенной работы.

ДНК-Крим Идентификация Объекта – инструмент, который значительно ускоряет работу эксперта по исследованию гипотез о происхождении следов.

Версия 1.3 поддерживает методы:

- 1) Вероятность случайного совпадения
- 2) Отношение правдоподобия



ДНК-Крим Идентификация Объекта

Содержание

<i>Иллюстрация окон программы</i>	<i>3</i>
<i>Формула криминалистического ДНК анализа</i>	<i>4</i>
<i>Вероятность случайного совпадения</i>	<i>5</i>
<i>Отношение правдоподобия</i>	<i>7</i>
<i>Примечания и рекомендации</i>	<i>10</i>
<i>Пример генетической экспертизы: Отношение правдоподобия</i>	<i>12</i>
<i>Редактор Локусов ДНК-Крим.....</i>	<i>30</i>
<i>Литература: Анализ и Исследование ДНК.....</i>	<i>32</i>
<i>Обратная связь</i>	<i>33</i>
<i>Направления развития ДНК-Крим.....</i>	<i>34</i>

ДНК-Крим Идентификация Объекта

Вероятность случайного совпадения: Отношение правдоподобия

Отношение правдоподобия - задать Профиль E, Известные аллели правой гипотезы U(R), обратный гипотезы U(R)

Лocus: CSF1PO D13S317 D16S539 D18S51 D19S433 D21S11 D251338 D3S1358 D5S818 D7S820 D8S1179 F13A01 F13B FESFPS FGA HPRTB LPL Penka D Penka E SE33 TH01 TPOX vWA

021511

U(R) E

26 26 26 26

27 27 27 27

28 28 28 28

29 29 29 29

29.2 29.2 29.2 29.2

30 30 30 30

30.2 30.2 30.2 30.2

31 31 31 31

31.2 31.2 31.2 31.2

32 32 32 32

32.2 32.2 32.2 32.2

33 33 33 33

33.2 33.2 33.2 33.2

34.2 34.2 34.2 34.2

0351358

U(R) U(R) E

13 13 13 13

14 14 14 14

15 15 15 15

16 16 16 16

17 17 17 17

18 18 18 18

19 19 19 19

20 20 20 20

Строка состояния
К-во неизвестных лиц в обратной гипотезе R: 3

Сохранить

Сочитать

ДНК-Крим Идентификация Объекта

Вероятность случайного совпадения: Отношение правдоподобия

Отчет

		21	$P_{21}=0.0258$	$2.1920404523 \cdot 10^{-4}$
		22	$P_{22}=0.0401$	
		24	$P_{24}=0.1175$	
D7SS20	9	8	$P_8=0.1928$	$P_D7SS20_3(R)=$
		9	$P_9=0.148$	0.01432239215879
		12	$P_{12}=0.158$	
		14	$P_{14}=0.0050$	
FGA		20	$P_{20}=0.1542$	$P_FGA_3(R)=$
		22	$P_{22}=0.1953$	0.05384325708414
		23	$P_{23}=0.1493$	
		25	$P_{25}=0.0846$	
		26	$P_{26}=0.0311$	

Формулы расчета вероятности для каждого исследованного локуса:

$P_CSF1PO_3(\phi | 10,11,12,13)$

$-(P_{10} \cdot P_{11} + P_{12} \cdot P_{13})^6$

$P_D13S317_3(12 | 10,11,12)$

$-(P_{10} \cdot P_{11} + P_{12})^6 - (P_{10} \cdot P_{11})^6$

$P_D18S51_3(17 | 11,14,16,17,22)$

Строка состояния
Завершен расчет для "Отношение правдоподобия"

Сохранить

Иллюстрация окон программы

Формула криминалистического ДНК анализа

Чтобы вычислить формулу вероятности для локуса программа использует следующую общую закономерность вычисления вероятности :

$$P_x(U | E) = (T_0)^{2x} - \sum_i (T_{1i})^{2x} + \sum_{i,j} (T_{2i,j})^{2x} - \sum_{i,j,k} (T_{3i,j,k})^{2x} + \dots,$$

где T_0 – сумма частот всех аллелей профиля **E**;

T_{1i} – сумма частот аллелей профиля **E** , за исключением i -того аллеля, перечисленного в **U**;

$T_{2i,j}$ – сумма частот аллелей профиля **E** , за исключением i -того и j -того аллелей, перечисленных в **U**,

и т.д.

E (Explored set alleles –исследуемый набор аллелей) -смесь аллелей определенного локуса которые обнаружены при исследовании ДНК следа. (далее: Профиль),

U (Unknown alleles of set - аллели в наборе, происхождение которых неизвестно) - аллели в профиле **E** , происхождение которых неизвестно.(далее: Неизвестные аллели).

x – количество предполагаемых неизвестных лиц, источников неизвестных аллелей в профиле.

Задача эксперта задать гипотезу, определив Профиль (**E**), Неизвестные аллели (**U**), к-во неизвестных лиц (x).

Более полную информацию о использовании формулы можно найти в книге:

М.Г. Пименов, А.Ю. Культин, С.А. Кондрашов

Научные и практические аспекты криминалистического ДНК-анализа:

Глава 3. Вероятностно-статистическая оценка идентификационной

значимости результатов исследования 76

Вероятность случайного совпадения

вкладка **Вероятность случайного совпадения**

Позволяет рассчитывать Вероятность поставленной гипотезы, используя общую формулу:

$$P_x(U | E) = (T_0)^{2x} - \sum_i (T_i)^{2x} + \sum_{i,j} (T_{2i,j})^{2x} - \sum_{i,j,k} (T_{3i,j,k})^{2x} + \dots,$$

где:

E - профиль объекта

U - набор аллелей из профиля, произошедший от неизвестных лиц

x- количество неизвестных лиц, источников U аллелей

Задача эксперта задать гипотезу, определив

U(Неизвестные аллели) , E(Профиль) , x(Кол-во неизвестных лиц) .

Получив данные, программа может считать вероятность гипотезы по формуле: $P_x(U|E)$

С помощью вкладки можно считать как прямую так и обратную гипотезы,

Обучение: Вероятность случайного совпадения

В левой части вкладки "Вероятность случайного совпадения" находится Список локусов. Выберите Локусы, для Исследования, поставив рядом с Локусом галочку.

В правой части окна отображается форма Локуса

В форме Локуса находятся две колонки: "U" и "E" .

В каждой колонке отображаются все возможные аллели этого локуса

"E" - это профиль Локуса объекта, выберите аллели, чтобы задать профиль локуса одноименные аллели в "U" становятся активными.

"U" - набор аллелей из профиля, произошедший от неизвестных лиц, Пометьте аллели которые произошли от неизвестных лиц

Под колонкой "U" находится кнопка, которая позволяет выделить либо отменить выделение аллелей из "U".

Текущие изменения в профиле("E") локуса или Набора аллелей от неизвестных лиц("U") локуса отображается в "Строке состояния"

В правой части вкладки находится форма "Кол-во неизвестных лиц" - это к-во неизвестных лиц, от которых произошли неизвестные аллели из профиля объекта. *Программа контролирует минимальное Кол-во неизвестных лиц (каждый человек может быть источником не более 2х аллелей)*

Задайте с помощью стрелок "Кол-во неизвестных лиц" для вашей гипотезы

Итог:

Заполняя данные в формы локусов и форму "Кол-во неизвестных лиц" эксперт задает данные гипотезы о происхождении смеси(объекта).

Для того чтобы начать расчет гипотезы, нужно нажать кнопку "Считать"

Программа :

Рассчитывает формулу для каждого локуса, где забиты данные.

Подставляет частоты встречаемости аллелей локуса в формулу

Формирует подробный отчет о результатах работы

Переходит на вкладку "Отчет".

Отношение правдоподобия

вкладка **Отношение правдоподобия**

позволяет рассчитывать

Отношение двух противоположных гипотез, либо сравнивать две разные гипотезы для одного объекта.

Отличается от вкладки "Вероятность случайного совпадения", тем, что задает две гипотезы для профиля исследуемого объекта.

Для расчетов обеих гипотез программа использует общую формулу:

$$P_x(U | E) = (T_0)^{2x} - \sum_i (T_{1,i})^{2x} + \sum_{i,j} (T_{2,i,j})^{2x} - \sum_{i,j,k} (T_{3,i,j,k})^{2x} + \dots,$$

где :

E - профиль объекта

U - набор аллелей из профиля, произошедший от неизвестных лиц

x- количество неизвестных лиц, источников U аллелей

Задача эксперта задать две гипотезы, прямую и обратную, определив:

E - профиль объекта(является общим для обеих гипотез)

U(R)- набор аллелей из профиля, произошедший от неизвестных лиц, по предположению 1 гипотезы

x- к-во неизвестных лиц по предположению 1 гипотезы

U(R')- набор аллелей из профиля, произошедший от неизвестных лиц, по предположению 2 гипотезы

x'- к-во неизвестных лиц по предположению 2 гипотезы

Таким образом Эксперт задает две гипотезы:

Прямая: U(R), E , x.

Обратная: U(R'), E , x'.

Получив данные, программа считает вероятность гипотез по формулам:

Прямая: $P_x(U(R)|E)$

Обратная: $P_{x'}(U(R')|E)$

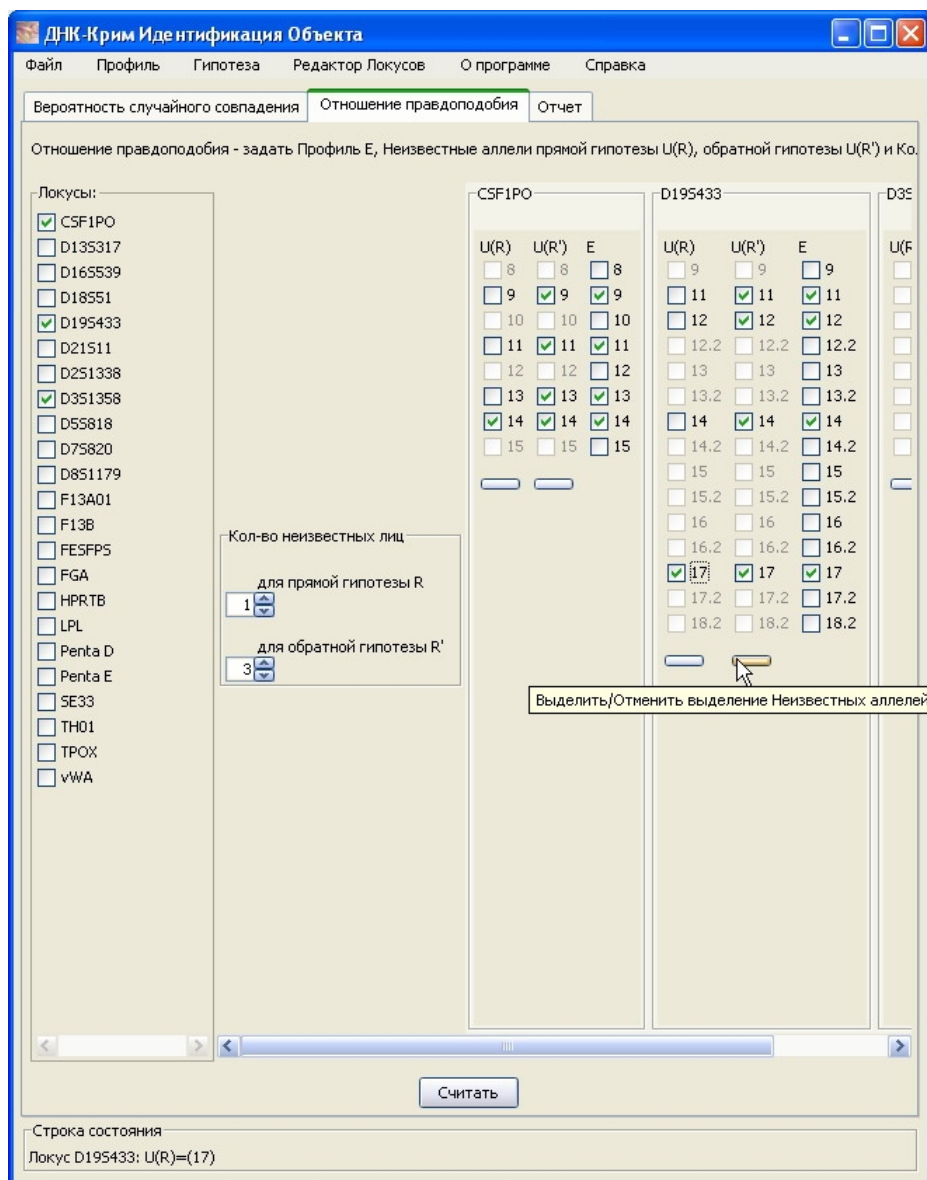
Программа рассчитывает вероятность каждой гипотезы и считает их отношение:

$$LR = \frac{P_x(U(R) | E)}{P_{x'}(U(R') | E)}$$

С помощью вкладки можно считать отношения прямой и обратной гипотезы.

Обучение: Отношение правдоподобия

В левой части вкладки "Отношение правдоподобия" находится Список локусов. Выберите Локусы, для Исследования, поставив рядом с Локусом галочку. В правой части окна отображается форма Локуса. В форме Локуса находятся три колонки: "U(R) ", "U(R)' " и "E" . В каждой колонке отображаются все возможные аллели этого локуса



"E" - это профиль Локуса объекта,
выберите аллели, чтобы задать профиль локуса
одноименные аллели в "U(R) ", "U(R') " становятся активными.

"U(R) " - набор аллелей из профиля, произошедший от неизвестных лиц , по
предположению 1 гипотезы
Пометьте аллели, которые произошли от неизвестных лиц, по предположению 1 гипотезы

Под колонкой "U(R) " находится кнопка, которая позволяет выделить либо
отменить выделение аллелей из "U(R) " .

"U(R') " - набор аллелей из профиля, произошедший от неизвестных лиц , по
предположению 2 гипотезы
Пометьте аллели которые произошли от неизвестных лиц, по предположению 2 гипотезы

Под колонкой "U(R') " находится кнопка, которая позволяет выделить либо
отменить выделение аллелей из "U(R') " .

Текущие изменения в профиле локуса или
Набора аллелей от неизвестных лиц отображается в "Строке состояния"

В правой части вкладки находится форма "Кол-во неизвестных лиц" - это
к-во неизвестных лиц, от которых произошли неизвестные аллели из профиля объекта
для прямой и обратной гипотезы соответственно.

*Программа контролирует минимальное Кол-во неизвестных лиц
(каждый человек может быть источником не более 2х аллелей)*

Задайте с помощью стрелок "Кол-во неизвестных лиц" для каждой из гипотез

Итог:

Заполняя данные в формы локусов и форму "Кол-во неизвестных лиц"
эксперт задает данные для обеих гипотез о происхождении смеси(объекта).

Для того чтобы начать расчет гипотезы, нужно нажать кнопку "Считать"

Программа :

Рассчитывает формулу для каждого локуса, где забиты данные.

Подставляет частоты встречаемости аллелей локуса в формулу

Формирует подробный отчет о результатах работы

Переходит на вкладку "Отчет", где можно посмотреть результаты и сохранить в формате
html.

Примечания и рекомендации

Вычеркивание – метод определения неизвестных аллелей:

Кнопка под колонками "U", "U(R)", "U(R)" облегчает определение неизвестных аллелей в локусе:

- 1) С помощью кнопки выделите все аллели из профиля в колонке
 - 2) Вычеркните из колонки аллели известных лиц(лиц, которые по этой гипотезе известны)
Соответственно останутся только аллели, происхождение которых неизвестно по этой гипотезе
-

Оценка:

В Отчете после расчета вероятности гипотезы происходит оценка идентификационной значимости гипотезы:

Текст оценки гипотезы зависит от:

- 1) Количества неизвестных лиц(0, 1, >1)
 - 2) Обратной величины вероятности, не меньшей $6 \cdot 10^9$ (населения Земли)
 - 3) Присутствия известных аллелей в профиле
-

Контроль Данных:

Важно проверить следующие Данные, которые определяют конечный результат вычислений:

Неизвестные аллели(для каждого локуса)

Профиль (для каждого локуса),

K-во неизвестных лиц(для гипотез),

если есть ошибки, можно вернуться на вкладку соответствующего метода исправить и нажать кнопку "Считать".

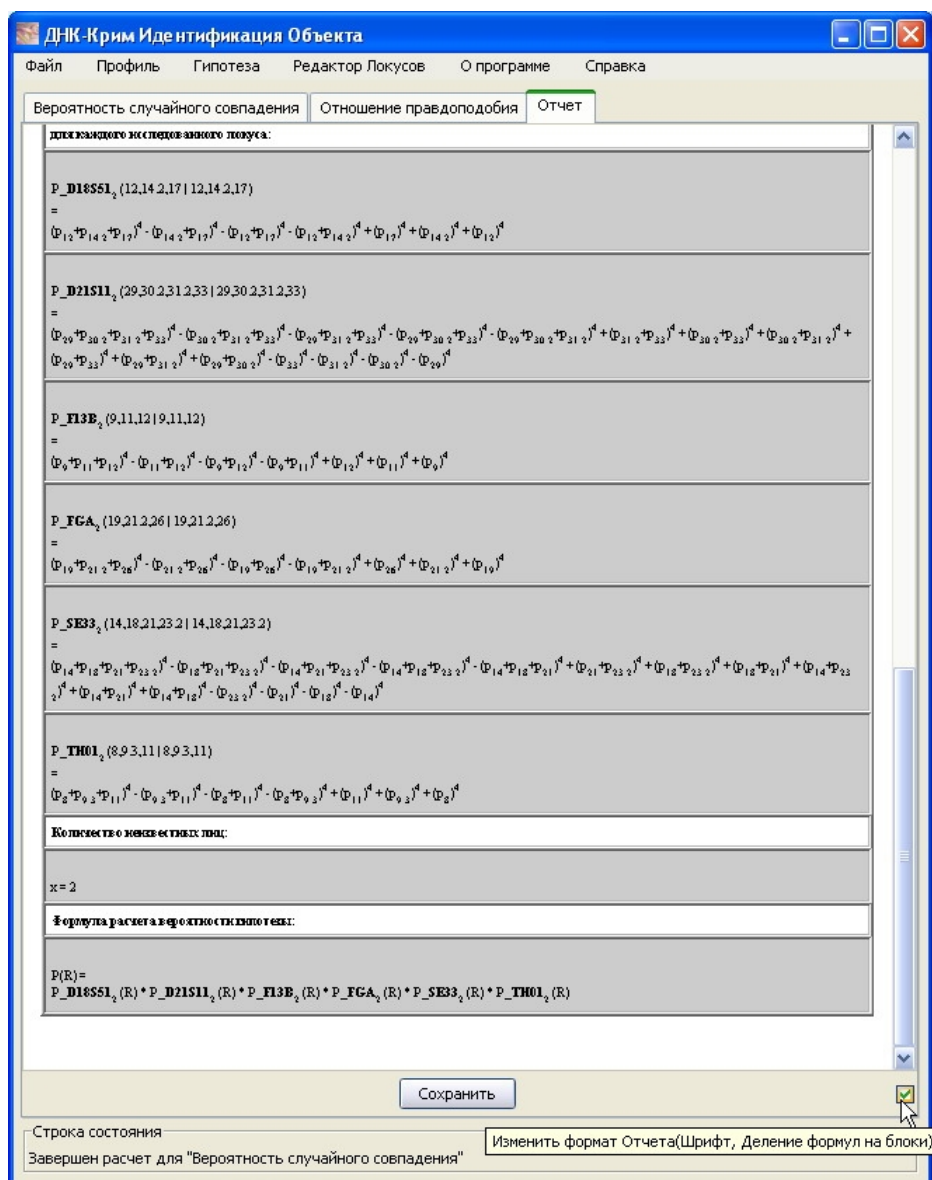
Количество неизвестных:

Создание всех формул вероятности может занять некоторое время, которое зависит от мощности процессора. Используя законы теории вероятностей, программа создает все возможные комбинации сумм из введенных данных по профилю и неизвестным аллелям. Затем сравнивает, проверяет и отбирает нужные, следуя общей закономерности. - Это базовый механизм в создании формулы для любых данных по каждому локусу. Количество вычислений комбинаций сумм математически зависит от количества неизвестных аллелей в профиле. Чем больше неизвестных аллелей в локусе, тем больше времени требуется программе, чтобы создать формулу.

Максимальное количество неизвестных аллелей для локуса - 8.

Формат Отчета:

Справа от кнопки "Сохранить" находится кнопка-флажок, с помощью которого можно изменить Формат Отчета:



1. Стандартный(каждый блок формулы занимает отдельную строку)
2. Компактный(шрифт уменьшен, разделение формулы отменено)

Постановка гипотезы:

Гипотеза объясняет происхождение аллелей в профиле:

Нужно разделить все аллели локуса(для каждого локуса следа)
на известные: те которые принадлежат лицам, ДНК которых по гипотезе известны,
и неизвестные, которые отсутствуют в ДНК известных лиц:

Пример генетической экспертизы: Отношение правдоподобия

ОБСТОЯТЕЛЬСТВА ДЕЛА:

В отношении гр-на А. было совершено преступление, при этом не исключается, что следы крови от потерпевшего гр-на А. могли остаться на теле преступника. По подозрению в совершении данного преступления задержан гр-н В.. При осмотре, на теле подозреваемого гр-на В. – обнаружены следы крови, которые изъяты путем смывания на марлевый тампон. Для установления источника происхождения следов крови, обнаруженных на теле подозреваемого гр-на В., назначена генетическая судебная экспертиза. В качестве сравнительных образцов, от потерпевшего гр-на А. и подозреваемого гр-на В. были получены образцы крови.

НА ЭКСПЕРТИЗУ ПРЕДСТАВЛЕНЫ:

1. Смыв следов крови, полученный с тела подозреваемого гр-на В.
2. Образец крови гр-на А.
3. Образец крови гр-на В.

ПЕРЕД ЭКСПЕРТОМ ПОСТАВЛЕНЫ ВОПРОСЫ:

От кого из проходящих по делу лиц – потерпевшего гр-на А. и/или подозреваемого гр-на В. произошли биологические следы в смыве, представленном для исследования?

.....

В пробе ДНК выделенной из клеток крови и эпителия, содержащихся в смыве с тела гр-на В. (объект № 1), по всем 15 исследуемым локусам выявлены амплифицированные фрагменты, при этом в каждом локусе выявлено до 6-ти специфичных для человека аллельных фрагмента, что свойственно для генетического профиля, образованного в результате смешения ДНК не менее чем от 3-х лиц.

В смешанном генетическом профиле ДНК из представленного на исследование смыва, по всем 15 исследованным локусам выявлены сочетания всех генетических признаков, свойственных гр-ну А. и гр-ну В., поэтому не исключается, что генетический материал в смыве с тела гр-на В. образован в результате смешения биологического материала от самого подозреваемого гр-на В. и потерпевшего гр-на А.. Кроме того, по 12 локусам выявлены 1 либо 2 аллельных фрагмента не свойственные ни потерпевшему А., ни подозреваемому В., что свидетельствует о присутствии в представленном смыве, ДНК от не менее чем, одного неизвестного лица.

См. Таблица №1. Результаты типирования локусов ДНК: объекта №1(смыв с тела гр-на В.), образца крови гр-на А., образца крови гр-на В..

Таким образом, генетический профиль ДНК биологического материала, содержащегося в смыве с тела гр-на В., образован в результате смешения ДНК не менее чем от трех лиц, при этом не исключается происхождение биологического материала в смыве только от трех лиц, в результате смешения ДНК в следах от гр-на В., гр-на А., и одного неизвестного лица.

1) Вероятностно-статистическая оценка идентификационной значимости выявленной совокупности генетических признаков в представленном на исследование смыве (объект № 1).

В соответствии с результатами типирования локусов ДНК, приведенными в таблице №1, выявленная совокупность генетических признаков в представленном на исследование смыве, с тела гр-на В. (объект №1), свидетельствует о смешении ДНК (генетического материала в следах) трех или более лиц, при этом не исключается смешение ДНК только трех человек - от гр-на В., гр-на А., **и одного неизвестного лица** с генетическими признаками не свойственными ни гр-ну А., ни гр-ну В. (т. е. случайное загрязнение исследуемого объекта №1 генетическим материалом от какого-либо неизвестного третьего лица на каком-либо этапе образования следов или на этапе получения, изъятия, упаковки и транспортировки представленного смыва).

С учетом известных обстоятельств дела (смыв получен непосредственно с тела гр-на В.), можно выдвинуть две противоположных гипотезы, объясняющие происхождение смешанного генетического профиля в объекте и провести анализ генетического профиля для каждой гипотезы, при этом в зависимости от гипотезы устанавливаем, кто из лиц, проходящих по делу, является известным источником аллелей в профиль объекта, а какие аллели произошли за счет неизвестных лиц.

1) **Прямая гипотеза (R)** – заключается в том, что генетический профиль установленный в смыве, произошел в результате смешения ДНК от трех лиц: гр-на В., одного неизвестного лица и гр-на А.. Расчет величины вероятности прямой гипотезы приведен в таблице № 3.

2) **Обратная гипотеза (R')** – заключается в том, что установленный генетический профиль в смыве произошел в результате смешения ДНК от трех лиц: гр-на В. и двух неизвестных лиц, а выявленные в смыве с тела гр-на В. сочетания генетических признаков, свойственных гр-ну А. совпадают случайно. Расчет величины вероятности обратной гипотезы приведен в таблице № 3.

Таблица №1. Результаты типирования локусов ДНК: объекта №1 (смыв с тела гр-на В.), образца крови гр-на А., образца крови гр-на В..

Исследованный локус	Алели выявленные в объекте 1 (смыв с тела гр-на В.)	Образец крови гр-на А.	Образец крови гр-на В.
CSF1PO	10 11 12	12 12	10 12
D13S317	8 9 10 11	8 9	8 8
D16S539	9 11 12	9 12	9 11
D18S51	14 17 18 19	18 18	14 17
D21S11	28 29 31.2	29 31.2	29 31.2
D3S1358	15 16 17	15 17	16 17
D5S818	10 11 12	10 12	10 12
D7S820	8 10 11 12	10 12	8 8
D8S1179	10 13 14	10 13	13 13
FGA	20 22 23 25 26	22 23	20 26
Penta D	8 9 11 13	9 9	13 13
Penta E	5 10 13 17 18 20	5 18	13 17
TH01	6 7 8 9 9.3	6 9	7 9.3
TPOX	8 11	8 8	8 11
vWA	14 16 17 18	16 17	14 17

**Начало Работы с ДНК-Крим:
Заполнение прямой и обратной гипотез в Локус "D18S51"**

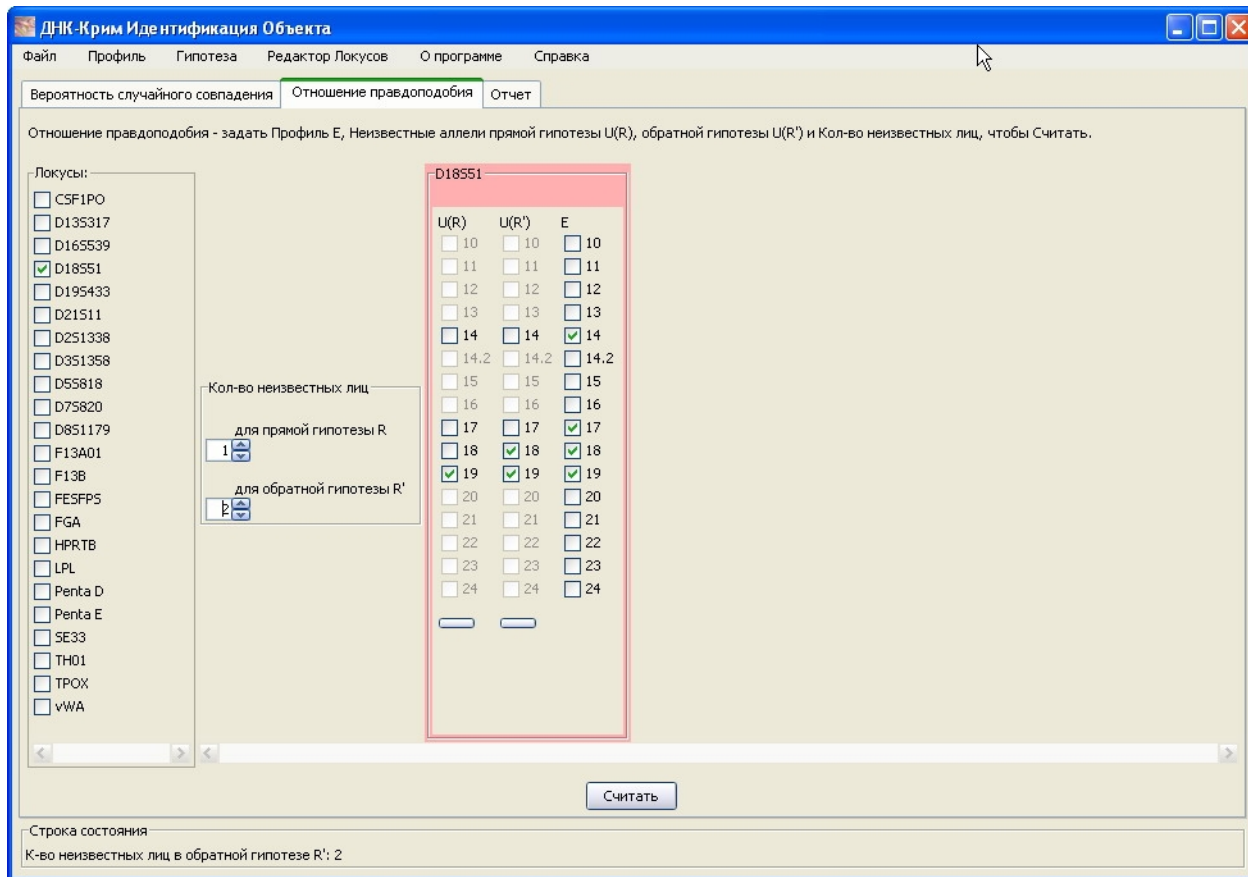
Таблица № 2: Данные по локусу D18S51 из Таблицы № 1

Исследованный локус	Аллели выявленные в объекте 1 (смыв с тела гр-на В.)	Образец крови гр-на А.	Образец крови гр-на В.
D18S51	14 17 18 19	18 18	14 17

I) Открываем Метод “Отношение правдоподобия”

II) Выделяем локус D18S51 :

Далее 1)-3). Определяем данные [$U(R), E, x$], [$U(R'), E, x'$] следуя поставленным гипотезам R и R' соответственно:



1) Заполняем аллели профиля исследуемого объекта, колонка “E”(Профиль): Выделяем аллели (14,17,18,19).

2) Прямая гипотеза (R)(локус D18S51)

2.1) Определяем неизвестные аллели для прямой гипотезы(R), колонка “U(R)”, например, вычеркиванием аллелей известных лиц из аллелей профиля.

(кнопка под колонкой неизвестных аллелей позволяет выбрать все активные аллели профиля)

В гипотезе R: гр-н А. – известное лицо, гр-н В. – известное лицо. Вычеркиваем аллели известных лиц(14,17,18). Получаем – неизвестные аллели для прямой гипотезы R =(19).

2.2) Заполняем ячейку “К-во неизвестных лиц для прямой гипотезы R”:

К-во неизвестных лиц для прямой гипотезы R =1.

(программа следит за соответствием количества неизвестных аллелей в объекте и минимальным количеством неизвестных лиц, источников этих аллелей. Однако, если количество неизвестных лиц по обстоятельствам дела отличается от минимального в большую сторону, то необходимо вручную скорректировать минимальное количество неизвестных лиц).

3) Обратная гипотеза (R')(локус D18S51)

3.1) Определяем неизвестные аллели для обратной гипотезы(R'), колонка “U(R')”, например, вычеркиванием аллелей известных лиц из аллелей профиля.

В гипотезе R': гр-н В. – известное лицо. Вычеркиваем аллели известных лиц(14,17). Получаем – неизвестные аллели для обратной гипотезы R' = (18,19).

3.2) Заполняем ячейку “К-во неизвестных лиц“ для обратной гипотезы R':

К-во неизвестных лиц для обратной гипотезы R' =2.

(Аналогично повторяем II) для других локусов)

На практике ячейки "К-во неизвестных лиц" заносятся после заполнения всех исследуемых локусов!

Вероятность случайного совпадения | **Отношение правдоподобия** | Отчет

Отношение правдоподобия - задать Профиль E, Неизвестные аллели прямой гипотезы U(R), обратной гипотезы U(R') и Кол-во неизвестных лиц, чтобы Считать.

Локусы:

- CSF1PO
- D13S317
- D16S539
- D18S51
- D19S433
- D21S11
- D25I338
- D3S1358
- D5S818
- D7S820
- D8S1179
- F13A01
- F13B
- FESFPS
- FGA
- HPRTB
- LPL
- Penta D
- Penta E
- SE33
- TH01
- TPOX
- vWA

Кол-во неизвестных лиц

для прямой гипотезы R: 1

для обратной гипотезы R': 2

CSF1PO: U(R) U(R') E
 8 8 8
 9 9 9
 10 10 10
 11 11 11
 12 12 12
 13 13 13
 14 14 14
 15 15 15

D13S317: U(R) U(R') E
 8 8 8
 9 9 9
 10 10 10
 11 11 11
 12 12 12
 13 13 13
 14 14 14

D16S539: U(R) U(R') E
 8 8 8
 9 9 9
 10 10 10
 11 11 11
 12 12 12
 13 13 13
 14 14 14

D18S51: U(R) U(R') E
 10 10 10
 11 11 11
 12 12 12
 13 13 13
 14 14 14
 14.2 14.2 14.2
 15 15 15
 16 16 16
 17 17 17
 18 18 18
 19 19 19
 20 20 20
 21 21 21
 22 22 22
 23 23 23
 24 24 24

D21S11: U(R) U(R')
 26 2
 27 2
 28 2
 29 2
 29.2 2
 30 3
 30.2 3
 31 3
 31.2 3
 32 3
 32.2 3
 33 3
 33.2 3
 34 3

Считать

Строка состояния
 К-во неизвестных лиц в обратной гипотезе R': 2

Вероятность случайного совпадения | **Отношение правдоподобия** | Отчет

Отношение правдоподобия - задать Профиль E, Неизвестные аллели прямой гипотезы U(R), обратной гипотезы U(R') и Кол-во неизвестных лиц, чтобы Считать.

Локусы:

- CSF1PO
- D13S317
- D16S539
- D18S51
- D19S433
- D21S11
- D25I338
- D3S1358
- D5S818
- D7S820
- D8S1179
- F13A01
- F13B
- FESFPS
- FGA
- HPRTB
- LPL
- Penta D
- Penta E
- SE33
- TH01
- TPOX
- vWA

Penta D: U(R) U(R') E
 2.2 2.2 2.2
 3.2 3.2 3.2
 5 5 5
 6 6 6
 7 7 7
 8 8 8
 9 9 9
 10 10 10
 11 11 11
 12 12 12
 13 13 13
 14 14 14
 15 15 15
 16 16 16
 17 17 17

Penta E: U(R) U(R') E
 5 5 5
 6 6 6
 7 7 7
 8 8 8
 9 9 9
 10 10 10
 11 11 11
 12 12 12
 13 13 13
 13.2 13.2 13.2
 14 14 14
 15 15 15
 16 16 16
 17 17 17
 18 18 18
 19 19 19
 20 20 20
 21 21 21
 22 22 22

TH01: U(R) U(R') E
 6 6 6
 7 7 7
 8 8 8
 9 9 9
 9.3 9.3 9.3
 10 10 10
 11 11 11

TPOX: U(R) U(R') E
 6 6 6
 7 7 7
 8 8 8
 9 9 9
 10 10 10
 11 11 11
 12 12 12

vWA: U(R) U(R') E
 13 13 13
 14 14 14
 15 15 15
 16 16 16
 17 17 17
 18 18 18
 19 19 19
 20 20 20
 21 21 21

Считать

Строка состояния
 К-во неизвестных лиц в обратной гипотезе R': 2

III) Нажимаем кнопку “Считать”.

После завершения расчетов по всем заданным локусам программа переходит на вкладку “Отчет”.

В отчете получаем:

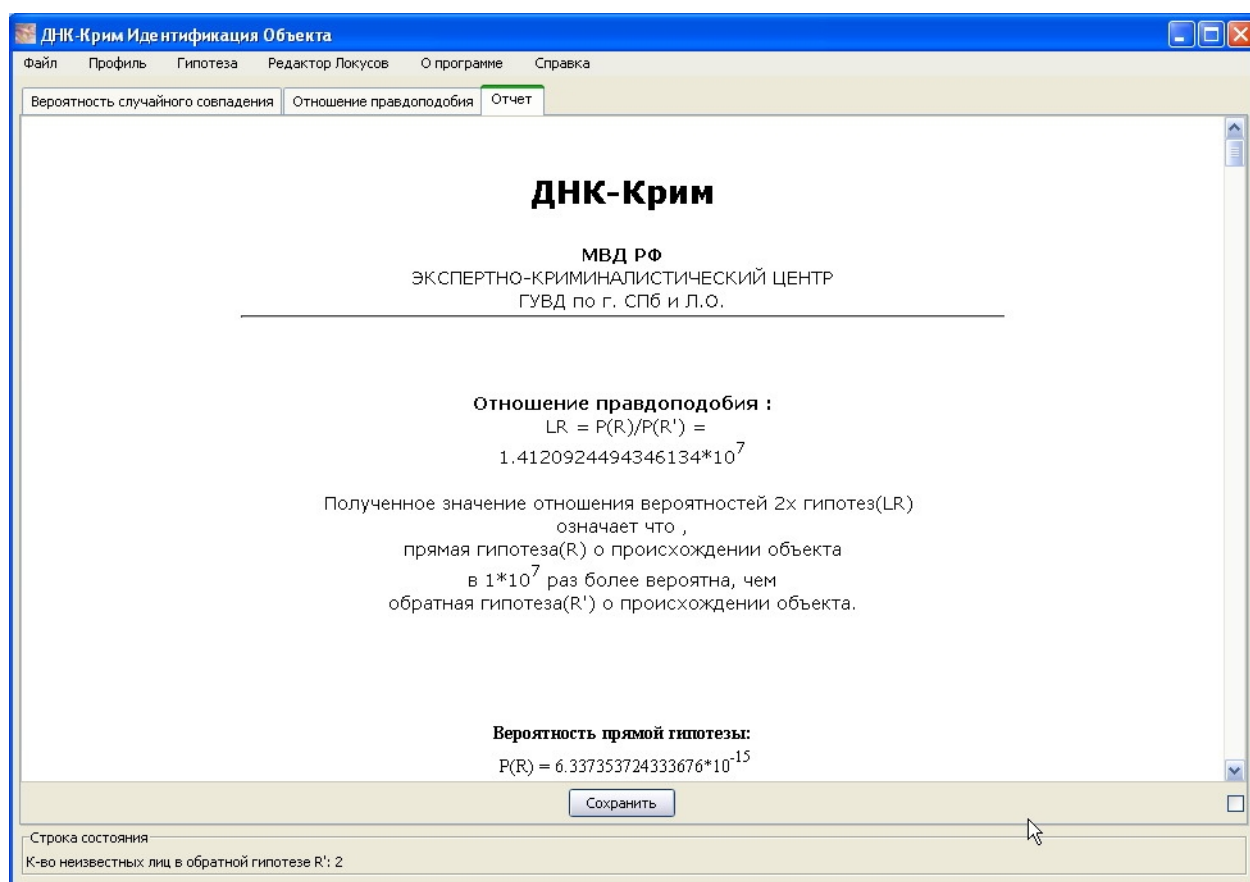
Значение Отношения правдоподобия 2х гипотез

Значения Вероятности для каждой гипотезы

Значения Вероятности для каждого исследованного локуса

Формулу Вероятности для каждого исследованного локуса

Формулу Вероятности для каждой гипотезы

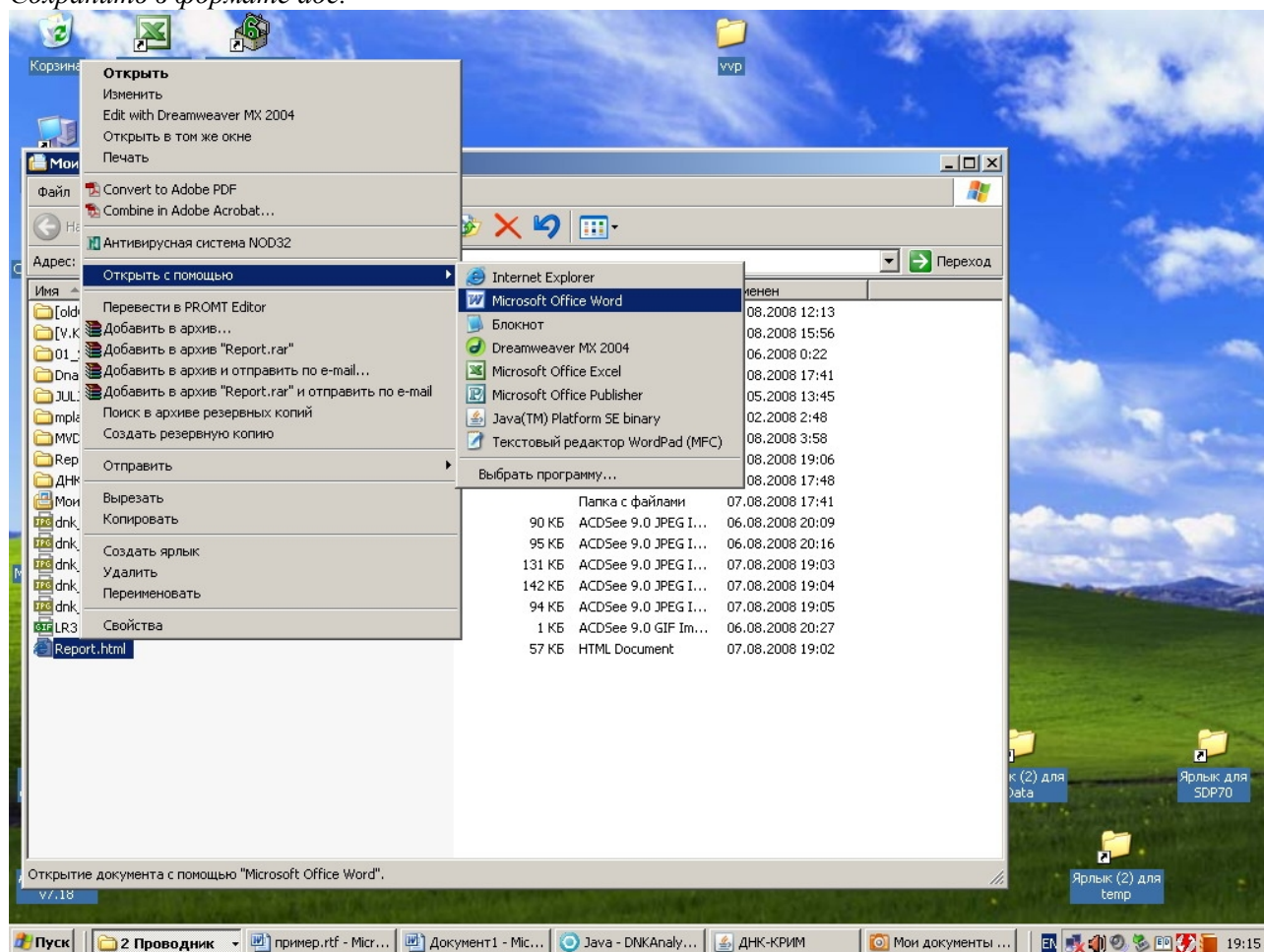


Справа от кнопки "Сохранить" находится кнопка-флажок, с помощью которого можно изменить Формат Отчета:

1. Стандартный(каждый блок формулы занимает отдельную строку)
2. Компактный(шрифт уменьшен, разделение формулы отменено)

Отчет сохраняется в формате веб-страницы(Report.html)

Отчет можно открыть и редактировать с помощью Microsoft Office Word. (в этом примере в отчет добавлен анализ эксперта, а также пример заполнения гипотез в программу ДНК-Крим)
Сохранить в формате doc.



Отчет ДНК-Крим:

Таблица № 3. Расчеты прямой и обратной гипотезы о происхождении объекта №1(смыв с тела гр-на В.). Отношение правдоподобия прямой и обратной гипотезы.

ДНК-Крим

МВД РФ
ЭКСПЕРТНО-КРИМИНАЛИСТИЧЕСКИЙ ЦЕНТР
 ГУВД по г. СПб и Л.О.

Отношение правдоподобия :

$$LR = P(R)/P(R') = 1.4120924494346134 * 10^7$$

Полученное значение отношения вероятностей 2х гипотез(LR) означает что ,
 прямая гипотеза(R) о происхождении объекта в $1 * 10^7$ раз более вероятна, чем обратная гипотеза(R') о происхождении объекта.

Вероятность прямой гипотезы:

$$P(R) = 6.337353724333676 * 10^{-15}$$

Вероятность случайного совпадения генетических признаков исследуемого объекта и неизвестного лица составляет $6.337353724333676 * 10^{-15}$, что соответствует 1: $2 * 10^{14}$

Полученная величина вероятности означает, что среди населения Земли(около $6 * 10^9$ человек), существует только один человек с генотипом, который в сочетании с генотипами известных лиц мог бы образовать генетический профиль данного объекта

Исследованный Лocus	Аллели Неизвестных Лиц	Профиль Объекта	Частота Встречаемости Аллелей	Значение Вероятности
CSF1PO	11	10 11 12	$p_{10}=0.283$ $p_{11}=0.281$ $p_{12}=0.272$	$P_CSF1PO_1(R)=$ 0.390871
D13S317	10 11	8 9	$p_8=0.1393$ $p_9=0.0883$	$P_D13S317_1(R)=$ 0.05069808

		10 11	$p_{10}=0.0684$ $p_{11}=0.3706$	
D16S539		9 11 12	$p_9=0.122$ $p_{11}=0.268$ $p_{12}=0.278$	$P_{\text{D16S539}_1}(\text{R})=0.446224$
D18S51	19	14 17 18 19	$p_{14}=0.1368$ $p_{17}=0.1343$ $p_{18}=0.0759$ $p_{19}=0.041$	$P_{\text{D18S51}_1}(\text{R})=0.030135$
D21S11	28	28 29 31.2	$p_{28}=0.1443$ $p_{29}=0.2077$ $p_{31.2}=0.0759$	$P_{\text{D21S11}_1}(\text{R})=0.10266945$
D3S1358		15 16 17	$p_{15}=0.2537$ $p_{16}=0.2898$ $p_{17}=0.199$	$P_{\text{D3S1358}_1}(\text{R})=0.55130625$
D5S818	11	10 11 12	$p_{10}=0.0858$ $p_{11}=0.3496$ $p_{12}=0.3271$	$P_{\text{D5S818}_1}(\text{R})=0.41091984$
D7S820	11	8 10 11 12	$p_8=0.1928$ $p_{10}=0.2524$ $p_{11}=0.204$ $p_{12}=0.158$	$P_{\text{D7S820}_1}(\text{R})=0.2877216$
D8S1179	14	10 13 14	$p_{10}=0.0659$ $p_{13}=0.3234$ $p_{14}=0.2015$	$P_{\text{D8S1179}_1}(\text{R})=0.19749015$
FGA	25	20 22 23 25 26	$p_{20}=0.1542$ $p_{22}=0.1953$ $p_{23}=0.1493$ $p_{25}=0.0846$ $p_{26}=0.0311$	$P_{\text{FGA}_1}(\text{R})=0.09681624$
Penta D	8 11	8 9 11 13	$p_8=0.013$ $p_9=0.189$ $p_{11}=0.137$ $p_{13}=0.195$	$P_{\text{Penta D}_1}(\text{R})=0.003562$
Penta E	10 20	5 10 13 17 18 20	$p_5=0.056$ $p_{10}=0.092$ $p_{13}=0.117$ $p_{17}=0.058$ $p_{18}=0.027$ $p_{20}=0.0070$	$P_{\text{Penta E}_1}(\text{R})=0.001288$
TH01	8	6 7	$p_6=0.22$ $p_7=0.152$	$P_{\text{TH01}_1}(\text{R})=0.20944$

		8 9 9.3	$p_8=0.112$ $p_9=0.198$ $p_{9,3}=0.309$	
TPOX		8 11	$p_8=0.537$ $p_{11}=0.253$	$P_TPOX_1(R)=$ 0.6241
vWA	18	14 16 17 18	$p_{14}=0.0796$ $p_{16}=0.2127$ $p_{17}=0.2836$ $p_{18}=0.2251$	$P_vWA_1(R)=$ 0.30994019

**Формулы расчета вероятности
для каждого исследованного локуса:**

$P_CSFIPO_1(11 | 10,11,12)$

$$= \frac{(p_{10}+p_{11}+p_{12})^2 - (p_{10}+p_{12})^2}{(p_{10}+p_{11}+p_{12})^2}$$

$P_D13S317_1(10,11 | 8,9,10,11)$

$$= \frac{(p_8+p_9+p_{10}+p_{11})^2 - (p_8+p_9+p_{11})^2 - (p_8+p_9+p_{10})^2 + (p_8+p_9)^2}{(p_8+p_9+p_{10}+p_{11})^2}$$

$P_D16S539_1(\phi | 9,11,12)$

$$= \frac{(p_9+p_{11}+p_{12})^2}{(p_9+p_{11}+p_{12})^2}$$

$P_D18S51_1(19 | 14,17,18,19)$

$$= \frac{(p_{14}+p_{17}+p_{18}+p_{19})^2 - (p_{14}+p_{17}+p_{18})^2}{(p_{14}+p_{17}+p_{18}+p_{19})^2}$$

$P_D21S11_1(28 | 28,29,31.2)$

$$= \frac{(p_{28}+p_{29}+p_{31.2})^2 - (p_{29}+p_{31.2})^2}{(p_{28}+p_{29}+p_{31.2})^2}$$

$P_D3S1358_1(\phi | 15,16,17)$

$$= \frac{(p_{15}+p_{16}+p_{17})^2}{(p_{15}+p_{16}+p_{17})^2}$$

$P_D5S818_1(11 | 10,11,12)$

$$= \frac{(p_{10}+p_{11}+p_{12})^2 - (p_{10}+p_{12})^2}{(p_{10}+p_{11}+p_{12})^2}$$

$P_D7S820_1(11 | 8,10,11,12)$

$$= \frac{(p_8+p_{10}+p_{11}+p_{12})^2 - (p_8+p_{10}+p_{12})^2}{(p_8+p_{10}+p_{11}+p_{12})^2}$$

$P_D8S1179_1(14 | 10,13,14)$

$$= \frac{(p_{10}+p_{13}+p_{14})^2 - (p_{10}+p_{13})^2}{(p_{10}+p_{13}+p_{14})^2}$$

$P_FGA_1(25 | 20,22,23,25,26)$

$$=$$

$(p_{20}+p_{22}+p_{23}+p_{25}+p_{26})^2 -$ $- (p_{20}+p_{22}+p_{23}+p_{26})^2$
P_Penta D₁ (8,11 8,9,11,13) =
$(p_8+p_9+p_{11}+p_{13})^2 -$ $- (p_9+p_{11}+p_{13})^2 -$ $- (p_8+p_9+p_{13})^2 +$ $+ (p_9+p_{13})^2$
P_Penta E₁ (10,20 5,10,13,17,18,20) =
$(p_5+p_{10}+p_{13}+p_{17}+p_{18}+p_{20})^2 -$ $- (p_5+p_{13}+p_{17}+p_{18}+p_{20})^2 -$ $- (p_5+p_{10}+p_{13}+p_{17}+p_{18})^2 +$ $+ (p_5+p_{13}+p_{17}+p_{18})^2$
P_TH01₁ (8 6,7,8,9,9.3) =
$(p_6+p_7+p_8+p_9+p_{9.3})^2 -$ $- (p_6+p_7+p_9+p_{9.3})^2$
P_TPOX₁ (φ 8,11) =
$(p_8+p_{11})^2$
P_vWA₁ (18 14,16,17,18) =
$(p_{14}+p_{16}+p_{17}+p_{18})^2 -$ $- (p_{14}+p_{16}+p_{17})^2$
Количество неизвестных лиц в прямой гипотезе:
x = 1
Формула расчета вероятности прямой гипотезы:
$P(R) =$ $P_CSF1PO_1(R)$ $*P_D13S317_1(R)$ $*P_D16S539_1(R)$ $*P_D18S51_1(R)$ $*P_D21S11_1(R)$ $*P_D3S1358_1(R)$ $*P_D5S818_1(R)$ $*P_D7S820_1(R)$ $*P_D8S1179_1(R)$ $*P_FGA_1(R)$ $*P_Penta D_1(R)$ $*P_Penta E_1(R)$ $*P_TH01_1(R)$ $*P_TPOX_1(R)$ $*P_vWA_1(R)$

Вероятность обратной гипотезы:

$$P(R') = 4.487917010583184 \cdot 10^{-22}$$

Вероятность случайного совпадения генетических признаков исследуемого объекта и 2 неизвестных лиц составляет $4.487917010583184 \cdot 10^{-22}$, что соответствует 1: $2 \cdot 10^{21}$

Полученная величина вероятности означает, что среди населения Земли (около $6 \cdot 10^9$ человек), существует только одна группа (из 2 человек), генотипы которой в сочетании с генотипами известных лиц могли бы образовать генетический профиль данного объекта

Исследованный Лocus	Аллели Неизвестных Лиц	Профиль Объекта	Частота Встречаемости Аллелей	Значение Вероятности
CSF1PO	11	10 11 12	$p_{10}=0.283$ $p_{11}=0.281$ $p_{12}=0.272$	$P_CSF1PO_2(R')=$ 0.393576218191
D13S317	9 10 11	8 9 10 11	$p_8=0.1393$ $p_9=0.0883$ $p_{10}=0.0684$ $p_{11}=0.3706$	$P_D13S317_2(R')=$ 0.02164634729962
D16S539	12	9 11 12	$p_9=0.122$ $p_{11}=0.268$ $p_{12}=0.278$	$P_D16S539_2(R')=$ 0.175981448176
D18S51	18 19	14 17 18 19	$p_{14}=0.1368$ $p_{17}=0.1343$ $p_{18}=0.0759$ $p_{19}=0.041$	$P_D18S51_2(R')=$ 0.00407870583885
D21S11	28	28 29 31.2	$p_{28}=0.1443$ $p_{29}=0.2077$ $p_{31.2}=0.0759$	$P_D21S11_2(R')=$ 0.02705621013785
D3S1358	15	15 16 17	$p_{15}=0.2537$ $p_{16}=0.2898$ $p_{17}=0.199$	$P_D3S1358_2(R')=$ 0.24685321540986999
D5S818	11	10 11 12	$p_{10}=0.0858$ $p_{11}=0.3496$ $p_{12}=0.3271$	$P_D5S818_2(R')=$ 0.30896761154437
D7S820	10 11	8 10	$p_8=0.1928$ $p_{10}=0.2524$	$P_D7S820_2(R')=$ 0.0976242816

	12	11 12	$p_{11}=0.204$ $p_{12}=0.158$	
D8S1179	10 14	10 13 14	$p_{10}=0.0659$ $p_{13}=0.3234$ $p_{14}=0.2015$	$P_{D8S1179_2}(R')=$ 0.03389067906992
FGA	22 23 25	20 22 23 25 26	$p_{20}=0.1542$ $p_{22}=0.1953$ $p_{23}=0.1493$ $p_{25}=0.0846$ $p_{26}=0.0311$	$P_{FGA_2}(R')=$ 0.0236752765072
Penta D	8 9 11	8 9 11 13	$p_8=0.013$ $p_9=0.189$ $p_{11}=0.137$ $p_{13}=0.195$	$P_{Penta D_2}(R')=$ 0.002944655532
Penta E	5 10 18 20	5 10 13 17 18 20	$p_5=0.056$ $p_{10}=0.092$ $p_{13}=0.117$ $p_{17}=0.058$ $p_{18}=0.027$ $p_{20}=0.0070$	$P_{Penta E_2}(R')=$ $2.3369472 \cdot 10^{-5}$
TH01	6 8 9	6 7 8 9 9.3	$p_6=0.22$ $p_7=0.152$ $p_8=0.112$ $p_9=0.198$ $p_{9.3}=0.309$	$P_{TH01_2}(R')=$ 0.08500681728
TPOX		8 11	$p_8=0.537$ $p_{11}=0.253$	$P_{TPOX_2}(R')=$ 0.38950081
vWA	16 18	14 16 17 18	$p_{14}=0.0796$ $p_{16}=0.2127$ $p_{17}=0.2836$ $p_{18}=0.2251$	$P_{vWA_2}(R')=$ 0.19927125975825

**Формулы расчета вероятности
для каждого исследованного локуса:**

$P_{CSFIPO_2}(11 | 10,11,12)$

$$= (p_{10}+p_{11}+p_{12})^4 - (p_{10}+p_{12})^4$$

$P_{D13S317_2}(9,10,11 | 8,9,10,11)$

$$= (p_8+p_9+p_{10}+p_{11})^4 - (p_8+p_{10}+p_{11})^4 - (p_8+p_9+p_{11})^4 - (p_8+p_9+p_{10})^4 + (p_8+p_{11})^4 +$$

$+ (p_8+p_{10})^4 +$ $+ (p_8+p_9)^4 -$ $- (p_8)^4$
P_D16S539 ₂ (12 9,11,12) = $(p_9+p_{11}+p_{12})^4 -$ $- (p_9+p_{11})^4$
P_D18S51 ₂ (18,19 14,17,18,19) = $(p_{14}+p_{17}+p_{18}+p_{19})^4 -$ $- (p_{14}+p_{17}+p_{19})^4 -$ $- (p_{14}+p_{17}+p_{18})^4 +$ $+ (p_{14}+p_{17})^4$
P_D21S11 ₂ (28 28,29,31.2) = $(p_{28}+p_{29}+p_{31.2})^4 -$ $- (p_{29}+p_{31.2})^4$
P_D3S1358 ₂ (15 15,16,17) = $(p_{15}+p_{16}+p_{17})^4 -$ $- (p_{16}+p_{17})^4$
P_D5S818 ₂ (11 10,11,12) = $(p_{10}+p_{11}+p_{12})^4 -$ $- (p_{10}+p_{12})^4$
P_D7S820 ₂ (10,11,12 8,10,11,12) = $(p_8+p_{10}+p_{11}+p_{12})^4 -$ $- (p_8+p_{11}+p_{12})^4 -$ $- (p_8+p_{10}+p_{12})^4 -$ $- (p_8+p_{10}+p_{11})^4 +$ $+ (p_8+p_{12})^4 +$ $+ (p_8+p_{11})^4 +$ $+ (p_8+p_{10})^4 -$ $- (p_8)^4$
P_D8S1179 ₂ (10,14 10,13,14) = $(p_{10}+p_{13}+p_{14})^4 -$ $- (p_{13}+p_{14})^4 -$ $- (p_{10}+p_{13})^4 +$ $+ (p_{13})^4$
P_FGA ₂ (22,23,25 20,22,23,25,26) = $(p_{20}+p_{22}+p_{23}+p_{25}+p_{26})^4 -$ $- (p_{20}+p_{23}+p_{25}+p_{26})^4 -$ $- (p_{20}+p_{22}+p_{25}+p_{26})^4 -$ $- (p_{20}+p_{22}+p_{23}+p_{26})^4 +$ $+ (p_{20}+p_{25}+p_{26})^4 +$ $+ (p_{20}+p_{23}+p_{26})^4 +$ $+ (p_{20}+p_{22}+p_{26})^4 -$ $- (p_{20}+p_{26})^4$
P_Penta D ₂ (8,9,11 8,9,11,13) =

$ \begin{aligned} & (p_8+p_9+p_{11}+p_{13})^4 - \\ & - (p_9+p_{11}+p_{13})^4 - \\ & - (p_8+p_{11}+p_{13})^4 - \\ & - (p_8+p_9+p_{13})^4 + \\ & + (p_{11}+p_{13})^4 + \\ & + (p_9+p_{13})^4 + \\ & + (p_8+p_{13})^4 - \\ & - (p_{13})^4 \end{aligned} $
<p>P_Penta E₂ (5,10,18,20 5,10,13,17,18,20)</p> <p>=</p> $ \begin{aligned} & (p_5+p_{10}+p_{13}+p_{17}+p_{18}+p_{20})^4 - \\ & - (p_{10}+p_{13}+p_{17}+p_{18}+p_{20})^4 - \\ & - (p_5+p_{13}+p_{17}+p_{18}+p_{20})^4 - \\ & - (p_5+p_{10}+p_{13}+p_{17}+p_{20})^4 - \\ & - (p_5+p_{10}+p_{13}+p_{17}+p_{18})^4 + \\ & + (p_{13}+p_{17}+p_{18}+p_{20})^4 + \\ & + (p_{10}+p_{13}+p_{17}+p_{20})^4 + \\ & + (p_{10}+p_{13}+p_{17}+p_{18})^4 + \\ & + (p_5+p_{13}+p_{17}+p_{20})^4 + \\ & + (p_5+p_{13}+p_{17}+p_{18})^4 + \\ & + (p_5+p_{10}+p_{13}+p_{17})^4 - \\ & - (p_{13}+p_{17}+p_{20})^4 - \\ & - (p_{13}+p_{17}+p_{18})^4 - \\ & - (p_{10}+p_{13}+p_{17})^4 - \\ & - (p_5+p_{13}+p_{17})^4 + \\ & + (p_{13}+p_{17})^4 \end{aligned} $
<p>P_TH01₂ (6,8,9 6,7,8,9,9.3)</p> <p>=</p> $ \begin{aligned} & (p_6+p_7+p_8+p_9+p_{9.3})^4 - \\ & - (p_7+p_8+p_9+p_{9.3})^4 - \\ & - (p_6+p_7+p_9+p_{9.3})^4 - \\ & - (p_6+p_7+p_8+p_{9.3})^4 + \\ & + (p_7+p_9+p_{9.3})^4 + \\ & + (p_7+p_8+p_{9.3})^4 + \\ & + (p_6+p_7+p_{9.3})^4 - \\ & - (p_7+p_{9.3})^4 \end{aligned} $
<p>P_TPOX₂ (φ 8,11)</p> <p>=</p> $(p_8+p_{11})^4$
<p>P_vWA₂ (16,18 14,16,17,18)</p> <p>=</p> $ \begin{aligned} & (p_{14}+p_{16}+p_{17}+p_{18})^4 - \\ & - (p_{14}+p_{17}+p_{18})^4 - \\ & - (p_{14}+p_{16}+p_{17})^4 + \\ & + (p_{14}+p_{17})^4 \end{aligned} $
<p>Количество неизвестных лиц в обратной гипотезе:</p>
<p>x = 2</p>
<p>Формула расчета вероятности обратной гипотезы:</p>
<p>P(R') =</p> <p>P_CSF1PO₂(R')</p> <p>*P_D13S317₂(R')</p>

*P_D16S539₂ (R')
*P_D18S51₂ (R')
*P_D21S11₂ (R')
*P_D3S1358₂ (R')
*P_D5S818₂ (R')
*P_D7S820₂ (R')
*P_D8S1179₂ (R')
*P_FGA₂ (R')
*P_Penta D₂ (R')
*P_Penta E₂ (R')
*P_TH01₂ (R')
*P_TPOX₂ (R')
*P_vWA₂ (R')

Результаты анализа:

1) Величина вероятности ($P(R) = 6.337353724333676 \cdot 10^{-15}$) прямой гипотезы (R) соответствует частоте встречаемости в популяции генотипа неизвестного человека, который в сочетании и в совокупности с известными генотипами гр-на А. и гр-на В. образовал бы профиль, выявленный в исследуемом смыве (объект №1). Расчет величины вероятности прямой гипотезы приведен в таблице № 3.

2) Величина вероятности ($P(R') = 4.487917010583184 \cdot 10^{-22}$) обратной гипотезы (R') соответствует частоте встречаемости в популяции двух неизвестных человек, генотипы которых в сочетании и в совокупности с известным генотипом гр-на В. образовали бы профиль, выявленный в исследуемом смыве (объект №1). Расчет величины вероятности обратной гипотезы приведен в таблице № 3.

3) Полученное значение отношения вероятностей двух гипотез ($LR = P(R)/P(R') = 1.4120924494346134 \cdot 10^7$) означает, что гипотеза (R) о происхождении биологического материала в смыве с тела гр-на В. от трех лиц: гр-на А., гр-на В. и еще одного неизвестного лица в 10 миллионов раз более вероятна, чем гипотеза (R') о происхождении биологического материала в смыве от гр-на В. и двух неизвестных лиц и случайном совпадении генетических признаков с образцом крови гр-на А.. Расчет величины отношения правдоподобия приведен в таблице № 3.

ВЫВОДЫ :

В представленном на исследование, смыве с тела гр-на В. (объект № 1) – обнаружена кровь и эпителиальные клетки. Генетический профиль ДНК следов в смыве свидетельствует о присутствии генетического материала от трех или более лиц, при этом не исключается смешение ДНК биологического (генетического) материала только от трех лиц: гр-на В., гр-на А. и еще одного неизвестного человека.

Версия о том, что генетический материал на исследуемом объекте произошел от гр-на В., гр-на А. и еще одного неизвестного человека – в 10 миллионов раз более вероятна, чем версия о том, что генетический материал на исследуемом объекте произошел от гр-на В. и двух неизвестных лиц.

Редактор Локусов ДНК-Крим

окно Редактор Локусов ДНК-Крим
(меню Редактор Локусов -> Изменить Локусы)

С помощью Редактора Локусов можно задать свой набор локусов и их аллелей.

Правила редактирования:

- 1) В начале данных вы можете поместить свои комментарии
Комментарии не должны содержать квадратных скобок!
- 2) Имя локуса задается в квадратных скобках: [Локус А]
- 3) Ниже набор аллелей и частот аллелей в формате:
аллель 1
частота аллеля 1
....
аллель n
частота аллеля n

Редактор Локусов ДНК-Крим

Файл Правила Редактирования

Редактор

Здесь можно оставить свои комментарии

[CSF1PO]

8

0.0030

9

0.077

10

0.283

11

0.281

12

0.272

13

0.069

14

0.014

15

0.0020

[D135317]

8

0.1393

9

0.0883

10

0.0684

11

0.3706

12

0.204

13

0.0871

Проверить и Сохранить

Выйти

После нажатия кнопки "Проверить и Сохранить":

Программа убирает лишние пробелы и пустые строки!
затем проводит проверку данных :
комментарии не должны содержать квадратных скобок
существование хотя бы 1 локуса
неверное имя локуса - пустое имя или присутствие лишних [,]
иерархия: [локус], аллель, частота
аллель - цифра
частота - цифра
аллель >1
 $0 < \text{частота} < 1$
сумма частот локуса в пределах (1 +/- погрешность(0.1))
имя каждого локуса должно быть уникальным
имя каждого аллеля в локусе должно быть уникальным

При нахождении ошибки выдаст соотв. предупреждение
и место ошибки,

Данные сохраняются при успешной проверке.

Горячие клавиши:

(для переноса содержимого из/в другой редактор(NotePad, Word).)

Ctrl+A - выделить все

Ctrl+C - копировать

Ctrl+V - вставить

Литература: Анализ и Исследование ДНК

Чтобы узнать подробно о практике и методах исследования ДНК
Рекомендуется литература:

*А.Ю. Культин, И.В. Стороженко,
В.Г. Никитаев, А.Н. Проничев, В.А. Власов*

Экспертная оценка и вероятностно-статистическая обработка результатов исследования ДНК при установлении биологического родства:
Учебное пособие. – М.: ЭКЦ МВД России, 2009.

М.Г. Пименов, А.Ю. Культин, С.А. Кондрашов

Научные и практические аспекты криминалистического ДНК-анализа:
Учебное пособие. – М.: ГУ ЭКЦ МВД России, 2001

Перепечина И.О., Гришечкин С.А.

Экспертная оценка и математическая обработка результатов исследования объектов, содержащих ДНК двух и более лиц:
Методические рекомендации. – М.: ЭКЦ МВД России, 1997

Обратная связь

Если Вы обнаружили ошибки в программе или в Руководстве ДНК-Крим, у Вас есть проблемы, затруднительные положения по использованию программы, пожалуйста пишите:

Александр Курочкин: workplacedesigner@gmail.com

The screenshot displays two windows from the 'ДНК-Крим' software. The left window, titled 'ДНК-Крим База Данных', shows a search result for a person with ID 42.123456, a case number, and an expiration date of 05.06.2009. Below this is a table of DNA loci with their corresponding chromosome positions. A 'Паспорт ИКЛ' window is overlaid on top, showing a list of loci with checkboxes for selection. The 'Penta D' column is highlighted in red. A small 'Авторы' dialog box is also visible, listing the authors: Александр Валерьевич Курочкин and Игорь Иванович Кораблин.

Паспорт ИКЛ	Профиль ИКЛ				
Д8S1179	FGA	Penta D	Penta E	TH01	TPOX
<input type="checkbox"/> 8	<input type="checkbox"/> 17	<input type="checkbox"/> 2.2	<input checked="" type="checkbox"/> 5	<input checked="" type="checkbox"/> 6	<input type="checkbox"/> 6
<input type="checkbox"/> 9	<input type="checkbox"/> 18	<input type="checkbox"/> 3.2	<input type="checkbox"/> 6	<input type="checkbox"/> 7	<input type="checkbox"/> 7
<input checked="" type="checkbox"/> 10	<input type="checkbox"/> 19	<input type="checkbox"/> 5	<input type="checkbox"/> 7	<input type="checkbox"/> 8	<input checked="" type="checkbox"/> 8
<input checked="" type="checkbox"/> 11	<input type="checkbox"/> 20	<input type="checkbox"/> 6	<input type="checkbox"/> 8	<input type="checkbox"/> 9	<input type="checkbox"/> 9
<input type="checkbox"/> 12	<input type="checkbox"/> 21	<input type="checkbox"/> 7	<input type="checkbox"/> 9	<input type="checkbox"/> 9.3	<input type="checkbox"/> 1
<input checked="" type="checkbox"/> 13	<input type="checkbox"/> 21.2	<input type="checkbox"/> 8	<input type="checkbox"/> 10	<input type="checkbox"/> 10	<input type="checkbox"/> 1
<input type="checkbox"/> 14	<input checked="" type="checkbox"/> 22	<input checked="" type="checkbox"/> 9	<input type="checkbox"/> 11	<input type="checkbox"/> 11	<input type="checkbox"/> 1
<input type="checkbox"/> 15	<input type="checkbox"/> 22.2	<input type="checkbox"/> 10	<input type="checkbox"/> 12	<input type="checkbox"/> 12	<input type="checkbox"/> 1
<input checked="" type="checkbox"/> 16	<input checked="" type="checkbox"/> 23	<input type="checkbox"/> 11	<input type="checkbox"/> 13	<input type="checkbox"/> 13	<input type="checkbox"/> 1
<input type="checkbox"/> 17	<input type="checkbox"/> 23.2	<input type="checkbox"/> 12	<input type="checkbox"/> 13.2	<input type="checkbox"/> 14	<input type="checkbox"/> 1
	<input type="checkbox"/> 24	<input type="checkbox"/> 13	<input type="checkbox"/> 14	<input type="checkbox"/> 15	
	<input type="checkbox"/> 25	<input type="checkbox"/> 14	<input type="checkbox"/> 15	<input type="checkbox"/> 16	
	<input type="checkbox"/> 26	<input type="checkbox"/> 15	<input type="checkbox"/> 16	<input type="checkbox"/> 17	
	<input type="checkbox"/> 27	<input type="checkbox"/> 16	<input type="checkbox"/> 17	<input checked="" type="checkbox"/> 18	
		<input type="checkbox"/> 17	<input type="checkbox"/> 18	<input type="checkbox"/> 19	
			<input type="checkbox"/> 19	<input type="checkbox"/> 20	
			<input type="checkbox"/> 20	<input type="checkbox"/> 21	
			<input type="checkbox"/> 21	<input type="checkbox"/> 22	

Направления развития ДНК-Крим



2008 ДНК-Крим Идентификация Объекта



2009 ДНК-Крим База Данных



2010 ДНК-Крим Родство

The image shows two windows of the 'ДНК-Крим Идентификация Объекта' software. The left window is the 'Профиль' (Profile) editor, and the right window shows the 'Отчет' (Report) results.

Профиль (Left Window):

- Вероятность случайного совпадения: Вероятность случайного совпадения - задать Профиль E, Неизвестные аллели U и Кол-во неизвестных лиц
- Отношение правдоподобия: Отношение правдоподобия
- Отчет: Отчет
- Лocus: CSF1PO, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D21S11, D251338, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, F13A01, F138, FESFPS, FGA, HPRTB, LPL, Penta D, Penta E, SE33, TH01, TPOX, vWA
- Кол-во неизвестных лиц:
- Buttons:
- Строка состояния: Лocus D16S539: U=(11)

Отчет (Right Window):

- Вероятность случайного совпадения: Вероятность случайного совпадения - задать Профиль E, Неизвестные аллели U и Кол-во неизвестных лиц
- Отношение правдоподобия: Отношение правдоподобия
- Отчет: Отчет
- Formula:
$$\frac{\Psi_1 \Psi_{11} \Psi_{12} \Psi_{13} \Psi_{14} \Psi_{15} \Psi_{16} \Psi_{17} \Psi_{18} \Psi_{19} \Psi_{20} \Psi_{21} \Psi_{22} \Psi_{23} \Psi_{24} \Psi_{25} \Psi_{26} \Psi_{27}}{P_{B195433}(17|11,12,14,17)}$$
- Formula:
$$= \frac{\Psi_{11} \Psi_{12} \Psi_{13} \Psi_{14} \Psi_{15} \Psi_{16} \Psi_{17} \Psi_{18} \Psi_{19} \Psi_{20} \Psi_{21} \Psi_{22} \Psi_{23} \Psi_{24} \Psi_{25} \Psi_{26} \Psi_{27}}{P_{B195433}(17|11,12,14,17)}$$
- Кол-во неизвестных лиц:
- x = 1
- Formula:
$$P(R) = \frac{P_{CSF1PO}(R) \cdot P_{B195433}(R)}{P_{CSF1PO}(R) \cdot P_{B195433}(R)}$$
- Вероятность обратной гипотезы:
$$P(R) = 4.6986 \cdot 10^{-9}$$
- Вероятность случайного совпадения генетических признаков исследуемого объекта и 3 неизвестных лиц составляет $4.6986 \cdot 10^{-9}$, что соответствует $1 : 2 \cdot 10^8$
- Table:

Исследуемый Лocus	Аллели Неизвестных Лиц	Профиль Объекта	Частота Встречаемости Аллелей	Эквивалентность
CSF1PO	9	9	$P_9 = 0.077$	$P_{CSF1PO}(R) = 4.2217993664 \cdot 10^{-4}$
	11	11	$P_{11} = 0.281$	
	13	13	$P_{13} = 0.069$	
	14	14	$P_{14} = 0.014$	
D19S433	11	11	$P_{11} = 0.0072$	$P_{D19S433}(R) = 1.112938181 \cdot 10^{-5}$
	12	12	$P_{12} = 0.0774$	
	14	14	$P_{14} = 0.341$	
	17	17	$P_{17} = 0.0029$	

Buttons:

Строка состояния: Завершен расчет для "Отношение правдоподобия"

© 2008-2010 workplacedesigner@gmail.com