

# *Odkrywanie zależności w mieszaninach DNA*

# *Analiza DNA*

- Allel
- Profil genetyczny
- Markery genetyczne STR



# Profile jednoznaczne

- Heterozygota

$$Pr_i = 2 \cdot p_a \cdot p_b$$

- Homozygota

$$Pr_i = p_a^2$$

- Prawdopodobieństwo genotypu - n markerów

$$Pr = \prod_i^n Pr_i$$

# Mieszaniny, hipotezy pochodzenia

- Hipoteza oskarżyciela  $H_p$  :

$$E = S+V$$

Hipoteza obrony  $H_d$  :

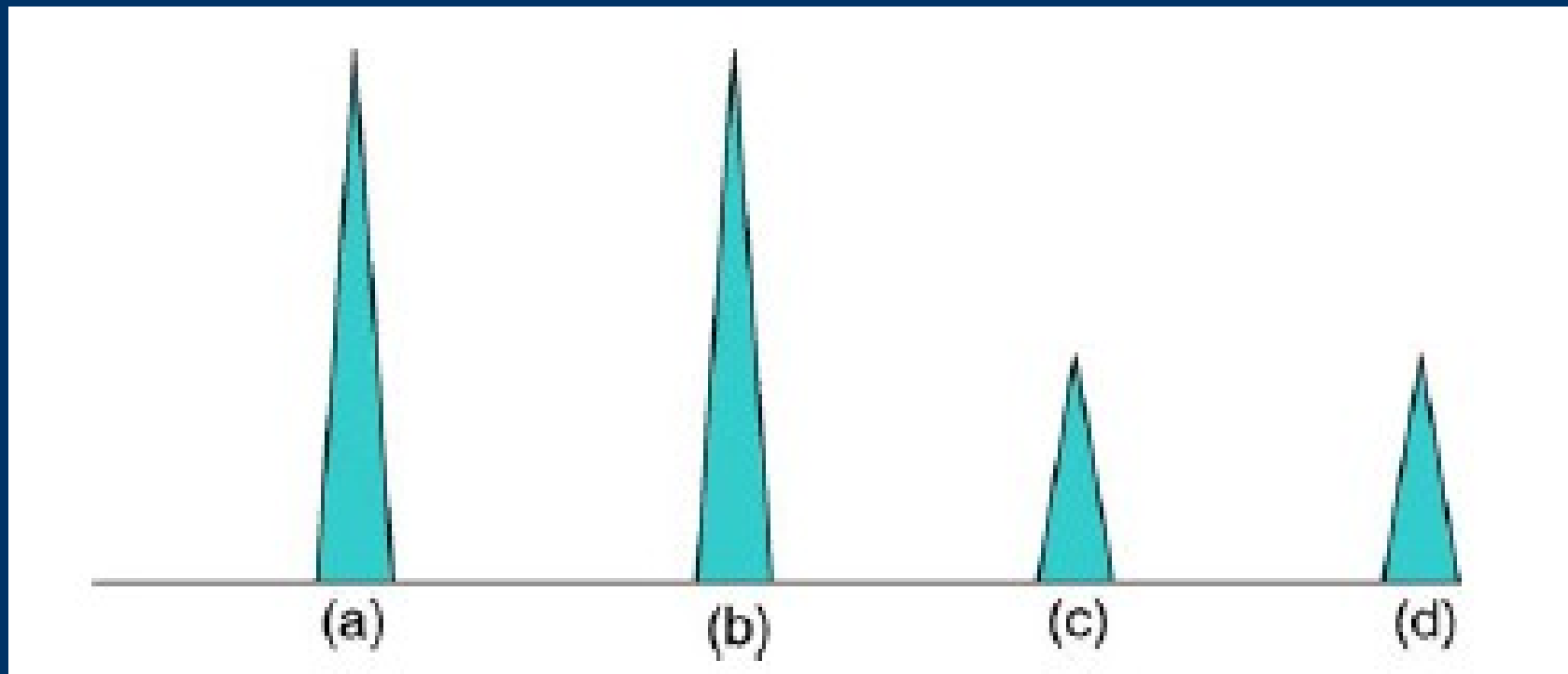
$$E = U+V$$

Iloraz wiarygodności:

$$LD = \frac{Pr(E|H_p)}{Pr(E|H_d)}$$

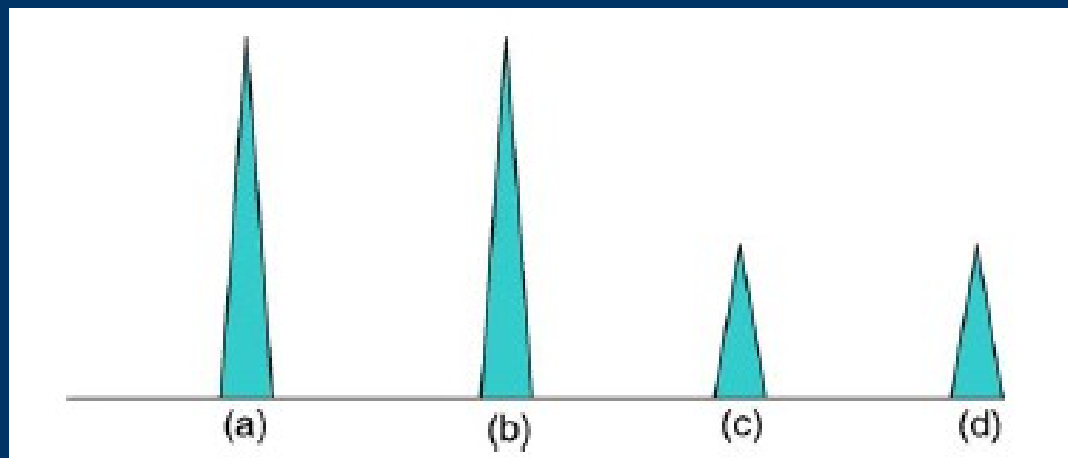
# *Mieszaniny, interpretacja danych*

- International Society of Forensic Genetics



# Mieszaniny, genotypowanie

- Profil mieszaniny



- Genotypy

Major	Minor	major/minor	$H_{b \text{ major}}$	$H_{b \text{ minor}}$	Result
ab	cd	0.70	0.9	0.9	Passes
ac	bd	0.53	0.3	0.3	Fails $H_b$
ad	bc	0.51	0.3	0.3	Fails $H_b$
cd	ab	0.30	0.9	0.9	Fails $M_x$
bd	ac	0.48	0.3	0.3	Fails $H_b$
bc	ad	0.49	0.3	0.3	Fails $H_b$

- Stosunek udziału

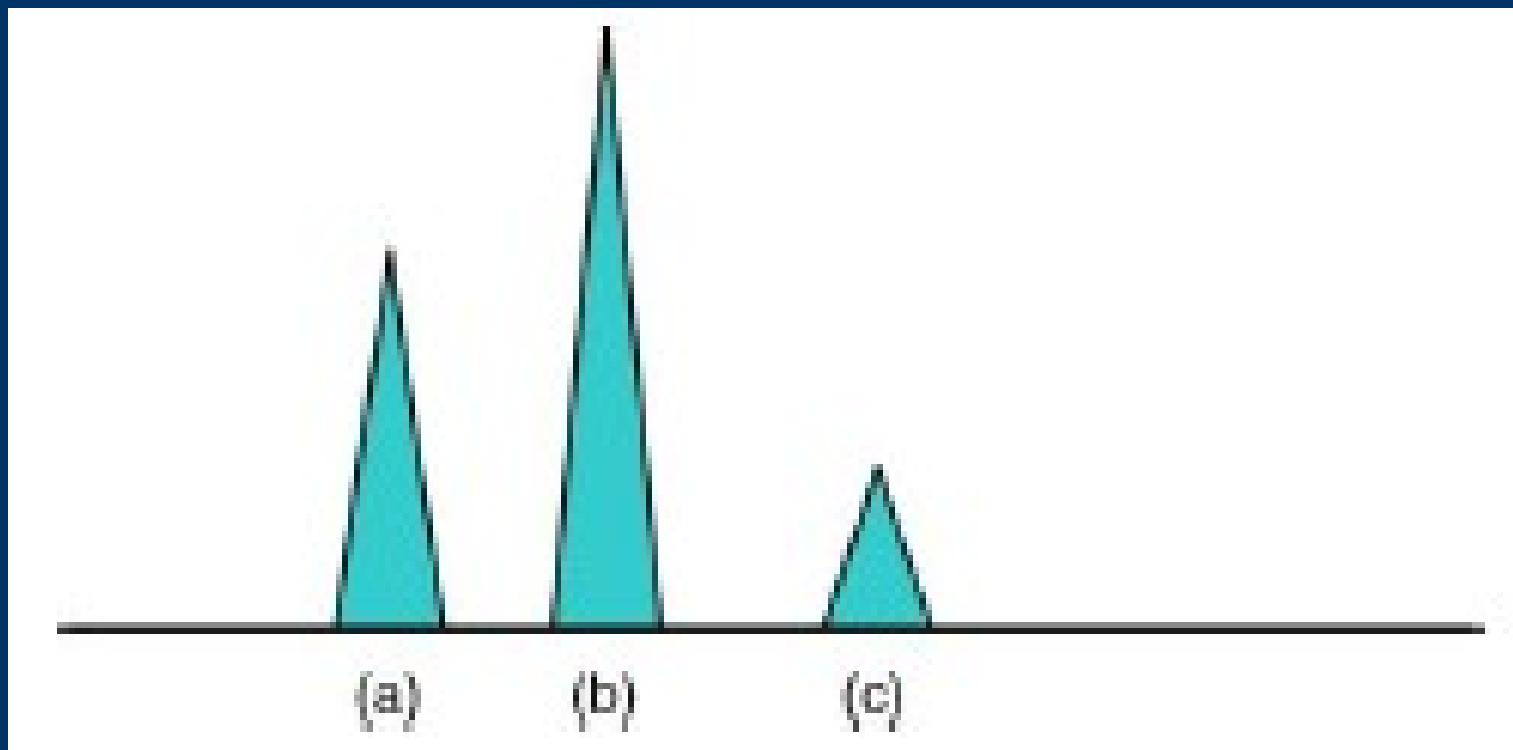
$$M_x = \frac{\Phi_a + \Phi_b}{\Phi_a + \Phi_b + \Phi_c + \Phi_d}$$

- Równowaga heterozygotyczna

$$H_b = \frac{\Phi_a}{\Phi_b} > 0,6$$

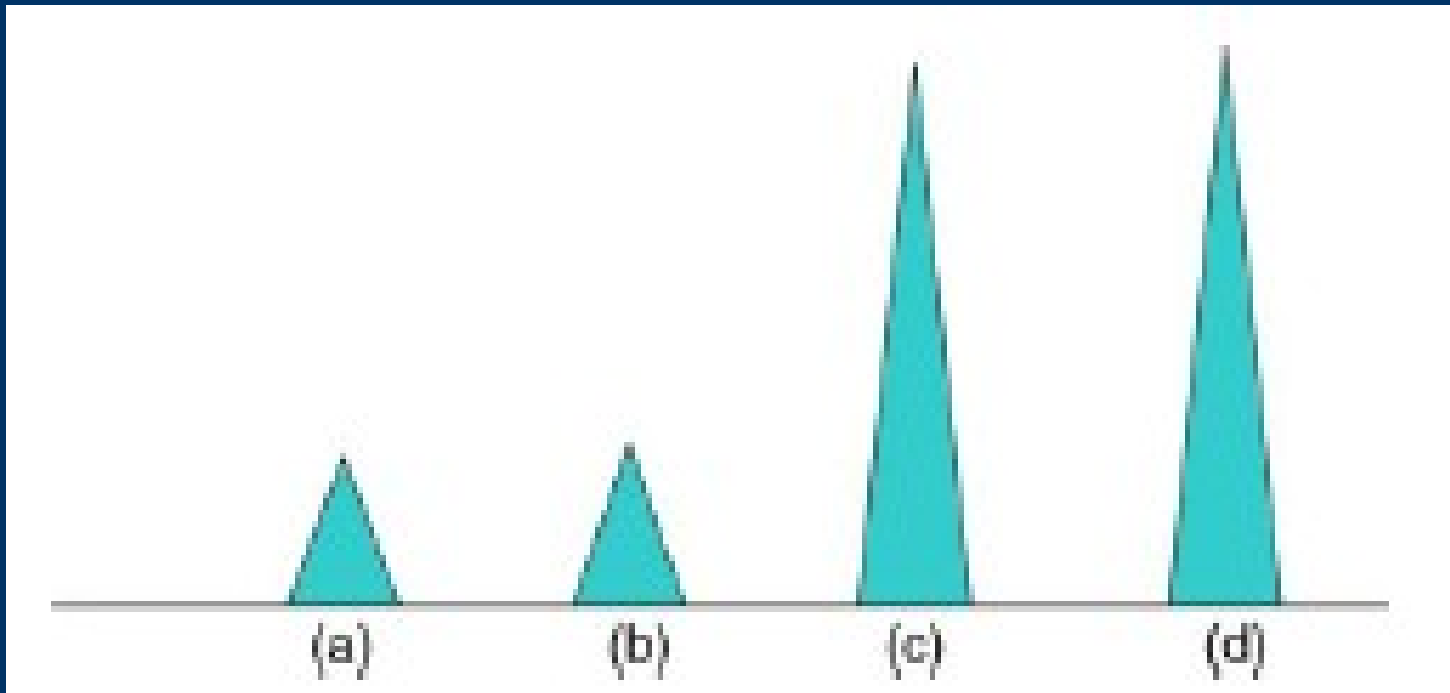
# *Mieszaniny, maskowanie wzajemne alleli*

- Nakładanie się alleli



# Artefakty - stutter

- Allele b w pozycji stutter



$$\frac{\Phi_{st}}{\Phi_c} < 0,15$$



# Artefakty - allel drop-out

