

Описание функциональных характеристик программного обеспечения HeliconGen (HeliconGen)

Программное обеспечение HeliconGen (HeliconGen) предназначено для сравнительного анализа и вероятностно-статистической оценки результатов типирования локусов ДНК, выделенной из следов биологического происхождения, с возможностью хранения, сравнения и накопления необходимых генотипов во встроенной базе данных.

В работе программы используются два основных способа оценки идентификационной значимости генетических признаков:

- Оценка значения вероятности случайного совпадения генетических признаков;
- Оценка величины отношения вероятностей (Likelihood Ratio) двух альтернативных событий (гипотез).

При установлении биологического родства оценивается величина вероятности встречаемости в популяции лица, обладающего генетическими признаками, которые не исключают родство по отношению к проверяемому лицу.

Используемые вероятностно-статистические расчеты реализованы на основе методических рекомендаций:

1. Экспертная оценка и вероятностно-статистическая обработка результатов исследования ДНК при установлении биологического родства: Учебное пособие / А.Ю. Культин, И.В. Стороженко, В.Г. Никитаев и др. – М.: ЭКЦ МВД России, 2011. – 136 с., 49 табл., 32 рис., библиогр.
2. Научные и практические аспекты криминалистического ДНК-анализа: Учебное пособие / Пименов М.Г., Культин А.Ю., Кондрашов С.А. – М.: ГУ ЭКЦ МВД России, 2001. – 144 с., 14 ил., 7 табл., прилож, библиогр.
3. Экспертная оценка и математическая обработка результатов исследования объектов, содержащих ДНК двух и более лиц: Методические рекомендации / И. О. Перепечина, С. А. Гришечкин. – М.: ЭКЦ МВД России, 1997. – 24 с., библиогр., прилож.
4. Вероятностные расчеты в ДНК-дактилоскопии: Методические рекомендации / И. О. Перепечина, С. А. Гришечкин. -М.: ЭКЦ МВД России, 1996. - 16 с., 4 табл., библиогр.

HeliconGen создано для облегчения однотипной работы эксперта-биолога при оформлении заключения эксперта: снижение вероятности внесения ошибочных данных, значительное увеличение скорости математических расчетов и получение сводных данных.

Позволяет работать с файлами экспорта, генерируемыми «GeneMapper» и «GeneMarker». И ни каким образом не зависит от используемого набора реагентов и количества используемых в одном сеансе работы экспортных файлов. Также генотипы можно добавлять и в ручном режиме.

В случае необходимости для однообразного использования частот встречаемости доступ к редактированию библиотеки локусов и аллелей может быть заблокирован.