**Вероятностные расчеты в ДНК-дактилоскопии**

В настоящее время в практику судебной медицины и криминалистики вошли новые методы идентификации, основанные на анализе дезоксирибонуклеиновой кислоты (ДНК). Информативность этих методов исключительно велика, так как высокий полиморфизм последовательностей ДНК делает ее неограниченным источником идентификационных признаков.

ДНК-анализ используется как в экспертизе вещественных доказательств, так и в экспертизе спорного происхождения детей.

Как и при классической дактилоскопии (исследовании папиллярных узоров), в ходе анализа ДНК не выявляются особые, свойственные только данному индивидууму, признаки. Каждый из изучаемых признаков обладает лишь групповой принадлежностью, однако в совокупности они позволяют индивидуализировать объект. Оценка идентификационного значения выявленных признаков осуществляется на основе вероятностных расчетов, базирующихся на данных о частотах встречаемости признаков у населения (в популяции). Частоты встречаемости признаков устанавливают опытным путем. Для этого исследуют определенную выборку людей, отражающую распределение признаков в популяции, и для каждого из них подсчитывают частоту встречаемости. Данные о частотах встречаемости позволяют вычислить вероятности идентификационных признаков. Вопросы, касающиеся расчета вероятности при оценке результатов ДНК-анализа, рассматриваются в ряде работ [1 − 14].

В вероятностных расчетах используют следующие обозначения и формулы.\*

Основным идентификационным признаком является аллель. При популяционных исследованиях в пределах каждого локуса выявляется целый ряд аллелей; у отдельно взятого индивидуума при типировании локуса определяются один (го-мозиготная форма) или два (гетерозиготная форма) аллеля. Вероятность аллеля обозначается символом p. Символ pk означает вероятность того, что аллель принимает значение k. Например, символом p2 обозначается вероятность аллеля номер 2. Сумма вероятностей всех аллелей одного локуса в популяции равна 1, т.е. если в локусе n аллелей, то:

p1 + p2 +...... + pn = 1.

Вероятность встречаемости гетерозиготного профиля ДНК, состоящего из аллелей a и b (π a,b), равна удвоенному произведению вероятностей соответствующих аллелей a и b:

πa,b = 2 pa pb при a ≠ b.

Вероятность встречаемости гомозиготного профиля ДНК, содержащего, например, аллель a (π a,a), равна квадрату вероятности аллеля a: πa,a = p2а.

Вероятность pа вычисляют на основании величины qa, обозначающей вероятность присутствия у индивидуума в типируемом локусе (хотя бы в одной из парных хромосом) аллеля a. Вероятность qa равна сумме всех генотипов, включающих в себя аллель a:

qa = π1,a + π2,а +... + πa,а +... + πn,a = 2p1 pa + 2p2 pa +... + p2a +... + 2pn pa = pa (2 − pa).

Откуда:

.

Вероятность qa находят на основании данных популяционных исследований. Для этого подсчитывают qa(N) − частоту нахождения аллеля а в данном локусе ДНК, равную отношению числа проб (Nа), в которых был выявле аллель а, к общему числу исследованных проб (N):

qа(N) = Na /N.

Если N велико, то, по закону больших чисел, частота qa(N) практически совпадает с вероятностью qa. Поэтому правомерно употребление понятий "частота" и "вероятность" почти как синонимов, так как они обозначают фактически одно и то же число.

В литературе для обозначения qa часто используется термин "частота встречаемости аллеля а в популяции". При всей традиционности этот термин, однако, является не совсем удачным, поскольку он может быть отнесен и к величине pa, которая меньше qa почти в 2 раза. Число рa есть вероятность нахождения аллеля а в одной хромосоме, а qa есть вероятность нахождения аллеля а хотя бы в одной из двух (парных) хромосом. Необходимо различать эти понятия.

Если генетический анализ проводится по нескольким локусам, наследование по которым происходит независимо, то вероятность комплекса признаков P равна произведению вероятностей каждого из них:

Р = Р1 Р2... Рn.

При идентификации искомой величиной является вероятность случайного совпадения признаков, выявленных в исследуемом объекте и сравниваемых с ним образцах. Вероятность случайного совпадения означает вероятность того, что тот же вывод был бы сделан, если бы профиль ДНК исследуемого объекта сравнивался с генотипом любого случайного индивидуума. Поскольку вероятность случайного совпадения воспринимается как абстрактное понятие, в выводах целесообразно выразить вычисленную величину через вероятность (частоту) встречаемости выявленного комплекса признаков. Возможна формулировка следующего вида: "Вероятность случайного совпадения выявленных генетических признаков составляет 2 10 -4, т. е. данные признаки в их совокупности могут быть обнаружены в среднем у двух человек из 10 тысяч".

Необходимо помнить, что слово "вероятность", так же как и теория вероятностей в целом, может относиться лишь к математической модели, а не к реальной жизненной ситуации. Поэтому в выводах не следует использовать формулировки типа: "Кровь в следах произошла от подозреваемого С. с вероятностью...", поскольку исследуемая кровь либо произошла от подозреваемого, либо нет.

Эксперт не компетентен в определении всех обстоятельств дела, это задача следствия. Его обязанностью является предоставление объективной информации, основанной на данных исследования вещественных доказательств. Поэтому, формулируя вывод, эксперт не должен ни преувеличивать, ни преуменьшать значение выявленных им генетических признаков. Не следует, например, указывать, что данный признак может встретиться "лишь у одного человека из 10 тысяч". Много это или мало − в каждом случае вопрос неоднозначный и, как правило, находящийся вне компетенции эксперта.

Наибольшую сложность представляют случаи позитивной идентификации личности. Как оценить, достаточна ли полученная информация для того, чтобы сделать категорический вывод об источнике происхождения следов? Иными словами, при каком значении Р эксперт может утверждать, что исследуемый объект произошел именно от данного лица?

Для понимания этого вопроса рассмотрим следующую ситуацию. Установлено, что вероятность случайного совпадения профиля ДНК крови в следах с генотипом подозреваемого П. (под "генотипом" здесь и далее условно понимается та его часть, которая изучена в процессе исследования) составляет, например, 10-7. При тех же объективных данных вывод о вероятности случайного совпадения признаков переформулируем, заменив его математически эквивалентным: какова вероятность того, что среди N потенциальных подозреваемых найдется хотя бы один, у которого генотип также будет согласовываться с профилем ДНК исследуемого объекта? Эта вероятность равна:

Q = 1 − (1−P)N = 1− e Nln(1-Р),

где e − основание натурального логарифма (e≈2,718).

Если Р мало, то можно воспользоваться приближенной формулой ln(1 − P) = − P [точное неравенство − P ≥ ln(1 − P) ≥ − P − Р2, если P ≤ 0,5].

Пусть обстоятельства дела таковы, что число N потенциальных подозреваемых велико, например N = 5 106 (скажем, все взрослое население Москвы). Тогда Q≈ 1 − e−0,5 ≈ 0,39. По всей видимости, линия защиты при оценке такого экспертного заключения будет состоять в следующем: если с вероятностью 0,39 (т.е. 39%) среди N потенциальных подозреваемых найдется хотя бы еще один (кроме П.), генотип которого также согласуется с профилем ДНК исследуемого объекта, то, исходя из принципа презумпции невиновности, данные генетического анализа не могут быть положены в основу обвинительного заключения П. Это использовалось в зарубежной адвокатской практике для оправдания обвиняемого [9].

Приведенный пример показывает, что если вероятность случайного совпадения признаков в исследуемом объекте и генотипе проходящего по делу лица является малой величиной, это, тем не менее, не означает, что такие же признаки не могут присутствовать и в генотипе еще какого-нибудь индивидуума (и даже не одного). Так, в нашем примере такой индивидуум вполне вероятно мог встретиться в том же городе. Понятно, что если бы речь шла о населении не города, а, например,страны (или всего земного шара), то эта вероятность была бы еще большей. Напротив, когда круг подозреваемых строго ограничен (например, преступление совершено на корабле), эта вероятность мала. Так, если N = 1000, при том же значении Р = 10−7, что и в предыдущем примере, вероятность того, что в данной совокупности встретится хотя бы еще один индивидуум с такими же признаками, составит всего 0,0001, или 0,01%. (Если Р N ≤ 1, то можно пользоваться приближенной формулой Q = Р N.)

Заметим, что сама по себе возможность существования еще одного или даже нескольких индивидуумов с интересующими генетическими признаками (а она теоретически есть при любом значении вероятности Р) вовсе не лишает экспертизу доказательности. Ведь это не свидетельствует о том, что выводы эксперта относительно источника происхождения следов неверны. Это лишь показывает принципиальную возможность гипотетического существования индивидуума, характеризующегося аналогичным сочетанием аллелей. При этом речь идет о случайной выборке людей, включающей в том числе и тех, кто не мог быть участником данного преступления, например, в силу возраста, физического состояния и т. д. Значение имеет степень достоверности идентификации.

Для определения критерия достоверности идентификации мы предлагаем использовать следующий подход.

Если считать, что результаты экспертизы послужат основой обвинительного заключения по данному уголовному делу или решения суда о признании отцовства, то вероятность судебной ошибки (осуждения невиновного либо признания отцом человека, в действительности им не являющегося) равна вероятности случайного совпадения Р. Вероятность того, что ни одна из экспертиз, проведенных по N делам, не повлечет за собой судебной ошибки, равна (1−Р)N. Если Р N мало (скажем, Р N ≤ 0,2), то можно пользоваться приближенной формулой (1−Р)N ≈ 1−Р N. Эта величина характеризует надежность метода идентификации по ДНК. Дальнейшие расчеты зависят от требований, предъявляемых к этой надежности. Если условием применения метода является требование, чтобы в течение 10 лет при его использовании не было допущено ни одной судебной ошибки, а число выполняемых в год идентификаций − порядка 1000, то получаются следующие выводы: если Р = 10−5, то вероятность того, что за десять лет не будет ни одной ошибки, равна 1 − Р N = 1−10−5 104 = 0,9 = 90%; при Р = 10−6, Р = 10−7, Р = 10−8 эта вероятность составит соответственно 99; 99,9; 99,99%. Последнее число очень велико и, видимо, достаточно для того, чтобы давать положительное заключение. Таким образом, при заданном значении N=104 величину 10−8 можно принять за верхний предел вероятности случайного совпадения, при которой вывод правомерно формулировать в виде: "Следы крови произошли от К." или "С. является биологическим отцом ребенка А.". Данное значение Р с вероятностью 99,99% обеспечивает достоверность идентификации не менее чем в 10 000 случаев. При Р = 10 −9 достоверность идентификации с указанной вероятностью обеспечивается не менее чем в 100 000 случаев, и т.д.

Приведенные расчеты показывают возможный методический подход к интерпретации величины Р. Принципиально важным, однако, является вопрос о том, следует ли эксперту в своем заключении интерпретировать эту величину. Вопрос является спорным и требует специального рассмотрения.

Если обратиться к зарубежной практике, то известно, что во многих странах эксперт ограничивается лишь указанием значения Р, а оценивает эту величину суд, исходя из всех известных ему обстоятельств. Этот подход имеет особые основания для отечественной практики, принимая во внимание то, что популяционные исследования в России только начались и достаточной базы данных о генотипах еще не создано. В любом случае, ключевые проблемы позитивной идентификации должны решаться не отдельными специалистами, а широким кругом компетентных лиц, с обязательным участием юристов, на межведомственном уровне. По вопросу, следует ли эксперту в своем заключении интерпретировать величину Р, должно быть вынесено специальное решение.

**Вероятностные расчеты при установлении тождества сравниваемых объектов**

Задача состоит в следующем. Выявленный в исследуемом объекте Х (напри-мер, в пятне крови) профиль ДНК таков, что не исключена возможность того, что Х произошел от подозреваемого или потерпевшего (П). Требуется определить вероятность случайного совпадения профиля ДНК Х с генотипом П. Иными словами, необходимо установить, с какой вероятностью выявленные в объекте Х признаки совпали бы с генотипом случайно взятого индивидуума N.

Приведем несколько примеров.

Пример 1. При исследовании пятна выявляются два аллеля, совпадающие с гетерозиготным профилем ДНК подозреваемого П:

Х П.

а \_\_\_\_\_\_ \_\_\_\_\_\_\_

b \_\_\_\_\_\_ \_\_\_\_\_\_\_

В этом случае:

Р (профиль ДНК N равен а,b) = πa,b = 2 pа pb.

Пример 2. В объекте выявляется единичный аллель. Такой же аллель содержит и гомозиготный профиль ДНК подозреваемого П.:

Х П.

а \_\_\_\_\_\_\_ \_\_\_\_\_\_\_

В этом случае:

Р (профиль ДНК N равен а,а) =π a,a = p2а.

Пример 3. В объекте обнаруживается более двух аллелей (а1, а2,..., ак). Это возможно, если Х, например, содержит кровь одновременно двух человек:

|  |  |
| --- | --- |
| Ха1\_\_\_\_\_\_\_а2\_\_\_\_\_\_\_.............\_\_\_\_\_\_\_аk \_\_\_\_\_\_\_ | П.\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_ |

Генотип П. согласуется с профилем ДНК Х, если П. имеет какие-то два аллеля аi и аj (при этом возможно, что i=j). Поэтому вероятность того, что генотип П. согласуется с Х случайно, равна:

.

Окончательная формула расчета вероятности:

т. е. искомая величина Р равна квадрату суммы вероятностей всех выявленных в пятне аллелей.

По этой же формуле рассчитывается и вероятность Р в случае, когда в объекте выявляются только два аллеля а и b, но у эксперта есть основания полагать, что след оставлен не одним человеком, а двумя. Тогда:

Р = (pа + pb)2 = p2а + p2b + 2 pa pb.

Если таких оснований нет, то, как было указано, вероятность вычисляется по формуле:

Р = 2 pa pb.

Ситуации, когда исследуемый объект содержит как ДНК преступника, так и ДНК жертвы и неизвестно, за счет какого из этих генотипов выявляются аллели в профиле ДНК Х, требуют специального рассмотрения. Это часто имеет место в экспертизах, назначаемых по поводу преступлений, совершаемых по сексуальным мотивам.

Априори возможны следующие три гипотезы:

А1 = {профиль ДНК Х обусловлен генотипом преступника};

А2= {профиль ДНК Х обусловлен генотипами преступника и жертвы};

A3 = {профиль ДНК Х обусловлен генотипом жертвы}.

Выводы о том, какая из этих гипотез справедлива, теория вероятностей сделать не позволяет. В некоторых случаях эксперт располагает данными, дающими ему основания предпочесть одну из гипотез двум другим или, по крайней мере, какую-либо из них исключить. Анализ ситуации базируется на оценке характера исследуемого объекта, а также на объективных данных, получаемых в процессе исследования. Например, при морфологическом исследовании пятна на одежде во всех полях зрения выявлено значительное количество сперматозоидов без примеси женских эпителиальных клеток.

Такой результат дает основания выбрать гипотезу А1 или, по крайней мере, хотя бы исключить гипотезу А3.

Иная ситуация имеет место, например, при исследовании тампона с вагинальным содержимым жертвы. Такой объект исследования всегда изначально содержит ДНК потерпевшей, особенно если на тампоне имеется также и кровь. Если в препарате выявлены лишь единичные сперматозоиды, то такие данные, скорее всего, исключают гипотезу А1, свидетельствуя в пользу гипотезы А2, а в ряде случаев - гипотезы А3. Оценка результатов упрощается, если проведена процедура "дифференциального лизиса".

Когда обстоятельства дела и данные, полученные в ходе исследования, не дают возможности выбрать какую-либо из гипотез А1, А2, А3, то необходимо поступать следующим образом.

Так как при расчете вероятности нельзя занижать ее значение (это могло бы привести к осуждению невиновного человека), требуется вычислить каждую из вероятностей и затем в качестве окончательной оценки вероятности случайного совпадения выявленных аллелей с генотипом подозреваемого взять максимальную из них.

Так же следует поступать и при оценке двух гипотез, если исключена третья.

Пример 4. Аллельная характеристика объекта Х и генотипа П. совпадает. При этом один из выявленных аллелей соответствует также гомозиготному профилю ДНК жертвы (Ж):

Х П. Ж

а \_\_\_\_\_\_\_ \_\_\_\_\_\_\_

b \_\_\_\_\_\_\_ \_\_\_\_\_\_\_ \_\_\_\_\_\_\_

Такое расположение аллелей исключает гипотезу А3. Вероятности равны:

Так как наибольшей в этом случае является вероятность , то в качестве окончательного результата расчетов следует привести эту величину, указав, что .

Пример 5. Профиль ДНК иследуемого объекта Х совпадает с генотипами подозреваемого и жертвы:

Х П. Ж

а \_\_\_\_\_\_\_ \_\_\_\_\_\_\_ \_\_\_\_\_\_\_

b \_\_\_\_\_\_\_ \_\_\_\_\_\_\_ \_\_\_\_\_\_\_

В этом случае априори не исключена ни одна из гипотез.

Соответствующие вероятности равны:

В случае, когда объективные данные, полученные в процессе исследования, дают хотя бы малейшее основание для того, чтобы допустить гипотезу А3, следует отказаться от решения вопроса.

Если эксперт уверен, что характер исследованного материала исключает гипотезу А3 (например, наличие большого числа сперматозоидов при минимальном количестве или отсутствии эпителиальных клеток с Х-хроматином, делающее нереальным получение положительного результата с женской ДНК на фоне отрицательного результата с мужской ДНК), из двух оставшихся гипотез выбирают гипотезу А2 с соответствующим значением вероятности.

В случае, когда ДНК деградирована, не исключена возможность того, что один из аллелей локуса (скорее всего, более крупный) может не проамплифицироваться. Рассмотрим ситуацию, при которой допускается возможность выявления неполной аллельной характеристики исследуемого объекта.

Если профиль ДНК объекта Х представляет собой единичный аллель (обозначим его а) и из-за деградации ДНК мы не исключаем возможности того, что второй аллель просто не был обнаружен, возникают следующие две гипотезы:

В1 = {истинный профиль ДНК объекта Х есть (а,а)};

В2 = {второй аллель не обнаружен}.

Пример 6. В объекте выявлен единичный аллель, в крови подозреваемого (по-терпевшего) - два аллеля:

Х П.

b \_\_\_\_\_\_\_

a \_\_\_\_\_\_\_ \_\_\_\_\_\_\_

Ясно, что если в данном случае справедлива гипотеза В1, то генотип подозреваемого не согласуется с профилем ДНК Х и происхождение Х от П. исключается. Если же полученные при исследовании данные (деградированная или не определяемая в УФЛ ДНК Х) позволяют допустить гипотезу В2, тогда возможность происхождения Х от П. не исключается и соответствующая вероятность рассчитывается по формуле:

.

Если рассматривается случай "смешанного" пятна, то гипотезы В1 и В2 в совокупности с гипотезами А1, А2, А3 дают следующие шесть различных сочетаний: В1А1, В1А2, В1А3, В2А1, В2А2, В2А3. Соответствующие вероятности станем обозначать (вероятность случайного совпадения генотипа подозреваемого с профилем ДНК Х при Вi, Аj).

Пример 7.

Ж

П. \_\_\_\_\_\_\_

Х \_\_\_\_\_\_\_

а\_\_\_\_\_\_\_ \_\_\_\_\_\_\_

Такое расположение аллелей исключает гипотезы В1А2 и В1А3. Если верна гипотеза В1А1, то профиль ДНК Х не согласуется с генотипом П., т.е. происхождение объекта Х от П. исключается. Остальные три вероятности вычисляются по следующим формулам:

В последних двух случаях решить вопрос о происхождении объекта Х не представляется возможным.

Необходимо отметить, что во всех сложных случаях (наличие нескольких участников преступления, совпадение аллелей в генотипах подозреваемого и жертвы, исследование малых количеств деградированной ДНК), когда результаты исследования одного локуса не позволяют сделать однозначный вывод, при расчете вероятности следует учитывать данные исследования других генетических маркеров.

При установлении тождества сравниваемых объектов заключительную часть выводов рекомендуется формулировать в одном из следующих вариантов:

"По данным исследования локусов.., кровь на ноже могла произойти от гр-на П. Частота встречаемости сочетания признаков, выявленных в исследуемом пятне и в генотипе гр-на П., составляет 2 10−5. Это означает, что указанное сочетание генетических признаков встречается в среднем у двух человек из 100 тысяч".

"При исследовании пятен крови на ноже по локусам... в ней выявлены те же генетические признаки, что и в крови гр-на П. Вероятность их случайного совпадения составляет 1:250000, т.е. обнаруженные признаки в их сочетании встречаются в среднем у одного человека из 250 тысяч".

"В следах на тампоне с вагинальным содержимым гр-ки Л. обнаружена сперма, которая могла произойти от гр-на С. Вероятность случайного совпадения генетических признаков, выявленных в следах и в крови гр-на С., составляет 2 10−4. Таким образом, признаки, согласующиеся с генетической характеристикой, установленной при исследовании пятна, содержащего сперму, могут быть обнаружены в среднем у двух мужчин из 10 тысяч".

**Вероятностные расчеты в экспертизе спорного происхождения детей**

Наиболее частым видом экспертизы спорного происхождения детей является экспертиза спорного отцовства. Как правило, она назначается по гражданским делам. Наряду с этим, в экспертной практике также встречаются случаи, когда необходимость определения возможности происхождения ребенка от конкретного лица возникает в связи с уголовными преступлениями. К самым типичным можно отнести следующие ситуации.

1. Установление отцовства в случаях изнасилования, повлекшего за собой беременность потерпевшей (с последующими родами или преждевременным прерыванием беременности).

2. Установление материнства в экспертизах по делам о детоубийствах.

3. Определение возможности происхождения ребенка от конкретных лиц в случае замены, кражи детей.

Описан целый ряд подходов к расчету вероятности при экспертизе спорного отцовства [4, 6 − 8, 10 − 14], в разной степени сочетающих как достоинства, так и недостатки. Обсуждение этих подходов требует специального рассмотрения.

В данной работе мы сочли целесообразным представить следующую методику.

В табл. 1 приведены формулы расчетов вероятности при установлении отцовства при различных сочетаниях генотипов матери и ребенка, указаны также возможные при этом варианты генотипов отца. Табл. 2 предназначена для случаев, когда установление возможности происхождения ребенка от конкретного лица производится при отсутствии информации о генотипе второго родителя (наиболее типичный случай − установление материнства в экспертизах по делам о детоубийствах).

Отметим, что изображенные в таблицах полосы не следует понимать буквально как выявляемые в геле фрагменты ДНК. В зависимости от случая, они могут обозначать аллели любого локуса, в том числе, например, локуса DQα гена HLA, при исследовании которого аллели в виде полос не выявляются.

Таблица 1

Расчет вероятности Р случайного совпадения признаков, выявленных в генотипах ребенка и предполагаемого отца, при различных сочетаниях генотипов матери и ребенка

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| Профиль ДНК матери | Профиль ДНКребенка | Возможные варианты профилей ДНК отца | Значение Р, выраженное черезq p |
| 1 \_\_\_\_ | 1 \_\_\_\_ | 1\_\_\_ | 2\_\_\_1\_\_\_ |  |  |  | q1 | p1 (2−p1) |
| 1 \_\_\_\_ | 2 \_\_\_\_1 \_\_\_\_ | 2\_\_\_ | 2\_\_\_1\_\_\_ | 3\_\_\_2\_\_\_ |  |  | q2 | p2 (2−p2) |
| 2 \_\_\_\_1 \_\_\_\_ | 1 \_\_\_\_ | 1\_\_\_ | 2\_\_\_1\_\_\_ | 3\_\_\_1\_\_\_ |  |  | q1 | p1 (2−p1) |
| 3 \_\_\_\_2 \_\_\_\_ | 2 \_\_\_\_1 \_\_\_\_ | 1\_\_\_ | 2\_\_\_1\_\_\_ | 3\_\_\_1\_\_\_ | 1\_\_\_4\_\_\_ |  | q1 | p1 (2−p1) |
| 2 \_\_\_\_1 \_\_\_\_ | 2 \_\_\_\_1 \_\_\_\_ | 1\_\_\_ | 2\_\_\_ | 2\_\_\_1\_\_\_ | 3\_\_\_2\_\_\_ | 3\_\_\_1\_\_\_ | q1+q2−π1,2 | p1 (2−p1)++p2 (2−p2)−2p1p2 |

Таблица 2

Расчет вероятности Р при наличии данных о генотипе только одного из предполагаемых родителей

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| Профиль ДНКребенка | Возможные варианты профилей ДНК матери (отца) | Значение Р, выраженное черезq p |
| 1 \_\_\_\_ | 1 \_\_\_\_ | 2 \_\_\_\_1 \_\_\_\_ |  |  |  | q1 | p1 (2−p1) |
| 2 \_\_\_\_1 \_\_\_\_ | 1 \_\_\_\_ | 2 \_\_\_\_ | 2 \_\_\_\_1 \_\_\_\_ | 3 \_\_\_\_1 \_\_\_\_ | 3 \_\_\_\_2 \_\_\_\_ | q1+q2−π1,2 | p1 (2−p1)++p2 (2−p2)−−2p1p2 |

Покажем, как рассчитывается вероятность случайного совпадения признаков, выявленных при исследовании изосерологических систем.

В табл. 3, 4 представлены формулы, по которым проводится математическая обработка результатов исследования по системе АВ0. Из них видно, что для определения вероятности Р надо сложить частоты встречаемости тех групп крови, которые не исключают отцовства (материнства).

Таблица 3

Расчет вероятности Р по данным исследования по системе АВ0 (известна групповая принадлежность крови ребенка, матери и предполагаемого отца)

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| Группа кровиматери | Группа кровиребенка | Группа крови, не исключающая отцовства | Значение Р |
| ААААВВВВАВАВАВ000 | АВАВ0АВАВ0АВАВАВ0 | ЛюбаяВ, АВВ, АВА, В, 0А, АВЛюбаяА, АВА, В, 0ЛюбаяЛюбаяА, В, АВА, АВВ, АВА, В, 0 | 1рВ+рАВрВ+рАВрА+рВ+р0рА+рАВ1рА+рАВрА+рВ+р011рА+рВ+рАВрА+рАВрВ+рАВрА+рВ+р0 |

Таблица 4

Расчет вероятности Р по данным исследования по системе АВ0 (известна групповая принадлежность крови ребенка и предполагаемой матери или предполагаемого отца)

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| Группа крови ребенка | Группа крови, не исключающая материнства (отцовства) | Значение Р |
| АВАВ0 | ЛюбаяЛюбаяА, В, АВА, В, 0 | 11рА+рВ+рАВрА+рВ+р0 |

Как и при установлении тождества объектов, в выводах экспертиз спорного происхождения детей следует избегать формулировок типа "вероятность происхождения ребенка Н. от гр-на К. составляет...".

Возможны следующие формулировки:

"Согласно данным исследования локусов.., гр-н К. может являться биологическим отцом ребенка С. Вероятность случайного совпадения признаков, выявленных в генотипах гр-на К. и ребенка С., составляет 10−4, т. е. теоретически в среднем один мужчина из 10 тысяч может быть биологическим отцом ребенка с данными генетическими признаками".

"Результаты генетического анализа крови ребенка Н. и гр-ки К. по локусам... не исключают возможности происхождения этого ребенка от данного лица. Вероятность случайного совпадения признаков, выявленных в генотипах ребенка Н. и гр-ки К., составляет 2 10−4. Это означает, что ребенок с обнаруженными генетическими признаками может родиться в среднем у двух женщин из 10 тысяч".

"По данным исследования систем... у гр-на К. и гр-ки С. мог родиться ребенок, имеющий такие же генетические признаки, как ребенок Н. Вероятность случайного совпадения признаков, выявленных у проходящих по делу лиц, составляет 2 10−5. Таким образом, рождение ребенка с обнаруженными генетическими признаками возможно в среднем у двух пар из 100 тысяч".

**Литература**

1. Akane A. Matsubara K., Shiono H. et al. //J. For. Sci. 2000. V. 35. Р. 1217 1225.

2. Cohen J.E. // Am. J. Hum. Genet. 1990. V.46. Р.358 368.

3. Еvett I.W., Werrett D.J., Smith A.F. // J.For. Sci. Soc. 1989. V. 29. Р. 191 196.

4. Evett I.W., Werrett D.J., Bucleton J.S. //J.For. Sci.Soc. 1989. V. 29. Р. 249 254.

5. Evett I. W., Pinchin R. // Int. J. Leg. Med. 1991. V. 104. Р. 267 272.

6. Honma M., Ishijama I. //Hum. Hered. 1989. V. 39. Р. 165 169.

7. Jeffrejs A.J., Turner M., Debenhamt P. //Am. J. Hum. Genet. 1991. V. 48. Р. 824 840.

8. Kadasi L., Ferak V. // 13-th Meeting International Association of Forensic Scienсes Program and Abstracts. 1993. Р.115.

9. Kingston C. J. //J.For. Sci. 1989. V. 34. Р. 1336 1342.

10. Morris J.W., Sanda A.I., Glassberg J. J.// J. For. Sci. 1989. V. 34. Р. 1311 1317.

11. Morris J.W., Brenner C.H. Proceeding from the second international simposium on human identification, 1991. Promega, Madison (1991). Р. 181 191.

12. Odelberg S.J., Demers D.B., Westin E.H., Hossaini A.A.// J.For. Sci. 1998. V. 33. Р. 921 928.

13. Wiegand P., Lorete J., Brinkmann B. //Int. J. Leg. Med. 2001. V. 104. P. 277 280.

14. Jassonridis A., Epplen J.T. //Electrophoresis. 2001. V. 12. Р. 221 226.