ЦИФРОВОЙ ФЕНОТИП

Проект по идентификации человека: Parseq Lab. Отчет по летней практике 2016. Анна Белоусова, anna.belousova@skolkovotech.ru

ПРОЕКТ ЦИФРОВОЙ ФЕНОТИП

- 1. Определение фенотипа в криминалистике
- 2. Текущее положение дел
- 3. Модели определения фенотипа
- 4. Идея проекта
- 5. Основной результат
- 6. Выводы
- 7. Планы на будущее

ИДЕНТИФИКАЦИЯ ЛИЧНОСТИ В КРИМИНАЛИСТИКЕ

Цели:

- подтверждение следственной гипотезы
- идентификация пострадавших при бедствии / террористическом акте
- идентификация жертвы насилия
- поиск пропавших без вести
- создание криминалистической базы данных

Задачи:

- объективное определение характеристических черт (фенотипа)
- разработка
 однозначной
 системы
 классификации
 фенотипа

ОПРЕДЕЛЕНИЕ ВНЕШНИХ ФИЗИЧЕСКИХ ХАРАКТЕРИСТИК

Основная задача: сужение круга объектов поиска на начальных этапах анализа.

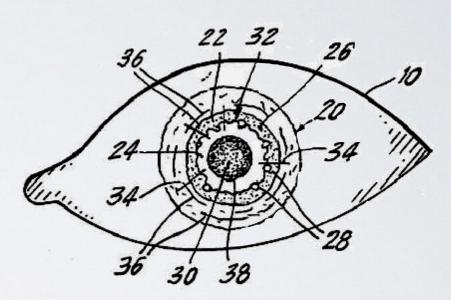


Схема из патента US5291560, защищающего технологию сканирования радужки, 1991 год.

ОСОБЕННОСТИ ОБРАЗЦОВ ДНК

- следовые количества
- быстрая деградация
- смеси

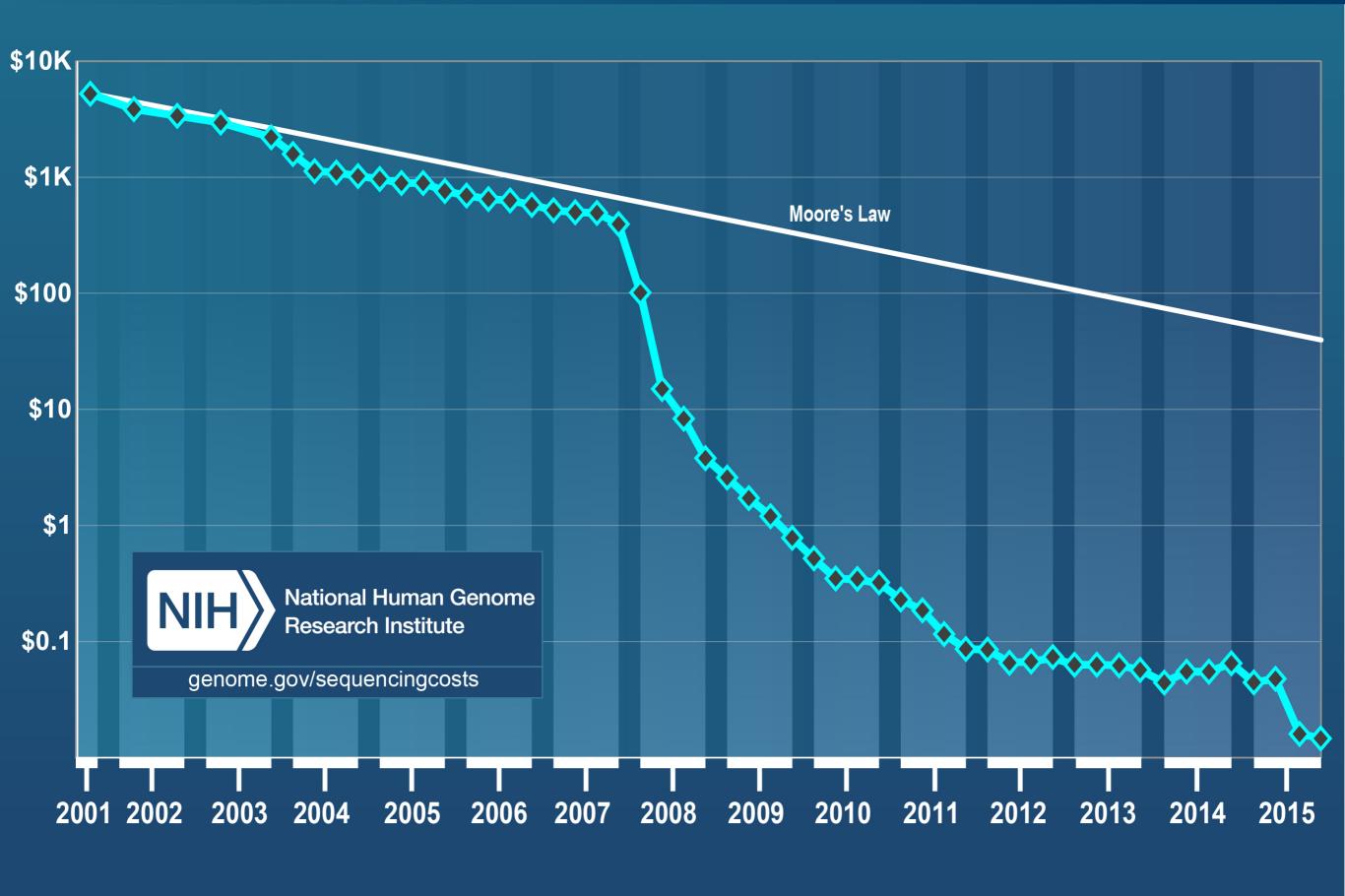
БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКИЕ МЕТОДЫ ИДЕНТИФИКАЦИИ ЛИЧНОСТИ

- анализ полиморфизма длин рестрикицонных фрагментов (ПДРФ, RLFP)
- методы на основе ПЦР для анализа повторов
- аутосомальные STR (short tandem repeat) маркеры
- X- и Y-STR повторы на половых хромосомах
- анализ локусов однонуклеотидных полиморфизмов (SNPs)
- анализ митохондриальной ДНК
- данные экспрессии микроРНК из биологических жидкостей

HUMAN GENOME PROJECT

- 1990 2003, 40 inst, 8-9x coverage
- · + db SNP

Cost per Raw Megabase of DNA Sequence



НОВЫЕ ТЕХНОЛОГИИ СЕКВЕНИРОВАНИЯ

NGS

MPS

• (возможности — скорость, выход, покрытие, снижение числа ошибок, стоимость)

МЕТОДЫ ИДЕНТИФИКАЦИИ ЛИЧНОСТИ

- анализ полиморфизма длин рестрикицонных фрагментов (ПДРФ, RLFP)
- методы на основе ПЦР для анализа повторов
- аутосомальные STR (short tandem repeat) маркеры
- X- и Y-STR повторы на половых хромосомах
- анализ локусов однонуклеотидных полиморфизмов (SNPs)
- анализ митохондриальной ДНК
- данные экспрессии микроРНК из биологических жидкостей

МЕТОДЫ АНАЛИЗА STR И Y-STR

• Short tandem repeats — подробнее о повторах

АНАЛИЗ МТ-ДНК

АНАЛИЗ МИКРОРНК

ИСТОРИЯ: ПОДДЕЛКА ОБРАЗЦА ДНК

• Нужно ли вставлять историю, как человек с помощью донорской крови и антикоагулянтов обеспечил себе алиби в деле по изнасилованию?

ВИДЫ АНАЛИЗА SNP

- SNP для идентификации личности: наиболее полиморфные локусы внутри популяции
- SNP для анализа географического происхождения / этнической принадлежности
- SNP для анализа родства: ди / мультиаллельные снипы
- SNP для анализа фенотипа: пигментация глаз, волос, кожи
- SNP для анализа физиологии: связанные с заболеваниями

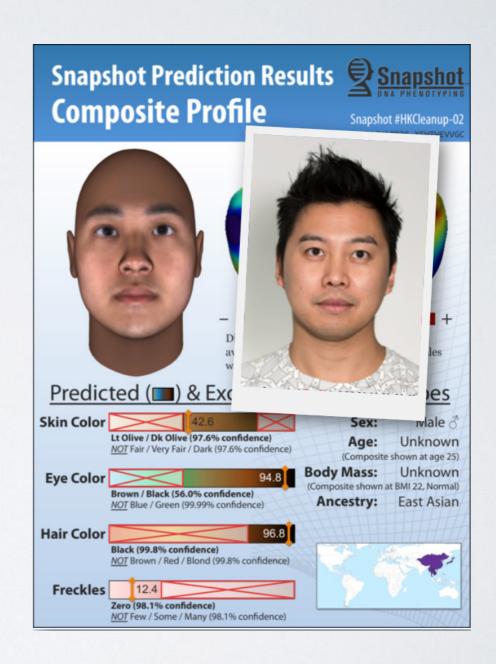
КАК SNP ОПРЕДЕЛЯЕТ ФЕНОТИП

МОДЕЛИ ОПРЕДЕЛЕНИЯ ФЕНОТИПА

- Decision tree
- Linear regression model

СОВРЕМЕННЫЕ ИНСТРУМЕНТЫ ОПРЕДЕЛЕНИЯ ФЕНОТИПА ПО SNP

- IrisPlex, HIrisPlex, HIrisPlex S
- Snipper
- Parabon Snapshot

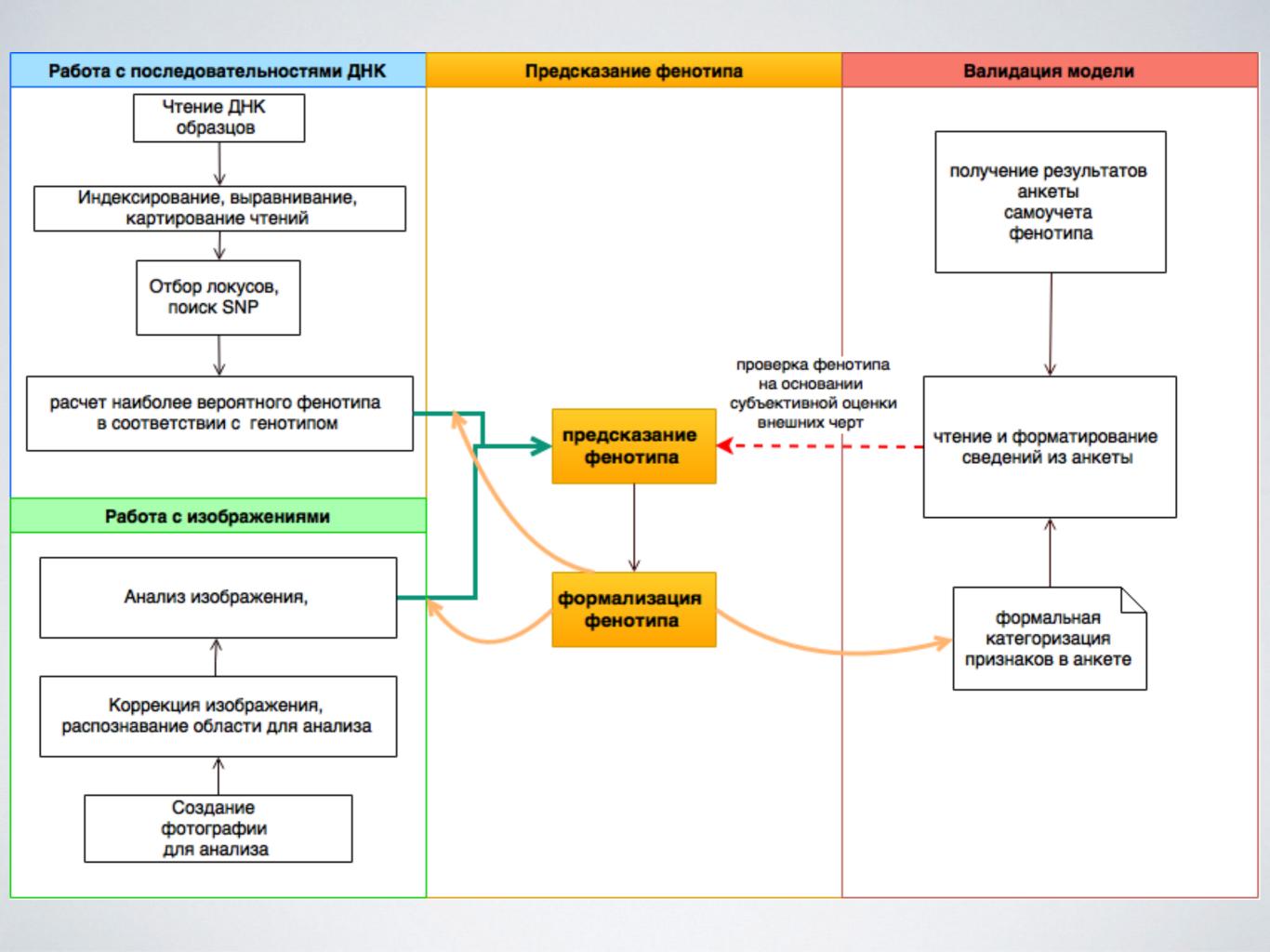


ПОДРОБНЕЕ О КАЖДОМ ИЗ ИНСТРУМЕНТОВ

- база данных
- какая модель используется
- есть ли он-лайн версия (какие in, out данные)
- ссылки на публикации

ЦИФРОВОЕ ФЕНОТИПИРОВАНИЕ: ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЬ ДЕЙСТВИЙ

- I. Чтение последовательности ДНК,
- 2. Индексирование, выравнивание и картирование чтений,
- 3. Выделение областей в чтениях и получение файлов с заменами в локусах,
- 4. Расчет наиболее вероятного фенотипа в соответствии с заменами на основании выбранной математической модели,
- 5. Получение сведений о фенотипе из опроса,
- 6. Чтение и форматирование сведений,
- 7. Получение изображений фенотипических черт,
- 8. Обработка изображений, распознавание фенотипа,
- 9. Формализация фенотипа,
- Валидация результатов предсказания на основании сведений из опроса / изображений.



КОНКРЕТНЫЕ ПРИМЕРЫ

• «рамка»

OCHOBHЫЕ РЕЗУЛЬТАТЫ

• Основные результаты работы представлены в публичном репозитории (https://github.com/ parseq/digital-phenotyping)

ВЫВОДЫ

- модель IrisPlex 60%
- (ИЛИ) субъективный учет фенотипа недостаточно эффективен

ПЛАНЫ НА БУДУЩЕЕ

• нарисовать H-S пространство для пигментации глаз