



РУКОВОДСТВО ПОЛЬЗОВАТЕЛЯ

ПРОГРАММНОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ HeliconGen
(HeliconGen)

СОДЕРЖАНИЕ

1.	О программе	3
2.	Создание файла экспорта проекта	4
3.	Создание файла экспорта проекта	5
4.	Ручной ввод профиля.....	6
5.	Ввод профиля из файла.....	8
6.	Открытие (просмотр) профиля	9
7.	Редактирование профиля	11
8.	Удаление профиля	12
9.	Дополнение (расширение) профиля	12
10.	Прямая идентификация	16
11.	Генотип в «строку»	17
12.	Таблица генотипов	17
13.	Ручное сравнение.....	19
14.	Прямая идентификация	19
15.	Родство.....	21
16.	Смеси.....	23
17.	Особенности добавления профилей из файла	24
18.	Автоматическое сравнение загружаемых генотипов с генотипами, сохраненными в база данных.....	28
19.	Создание, редактирование и удаление локусов	29
20.	Синонимы.....	30
21.	Настройки интерфейса.....	32
22.	Шаблоны отчетов	33
23.	Создание информационных карт ИКЛ, ИК-2 и 2-ДНК	35
24.	Сведения о правообладателе программного обеспечения	36

1. О программе

Программа "HeliconGen" предназначена для сравнительного анализа и вероятностно-статистической оценки результатов типирования локусов ДНК, выделенной из следов биологического происхождения, сравнительных образцов с возможностью хранения, сравнения и накопления необходимых генотипов во встроеной 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.

Вероятностно-статистические расчеты, используемые в данном приложении, 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 создан для облегчения однотипной работы эксперта-биолога при оформлении заключения эксперта: снижение вероятности внесения ошибочных данных, значительное увеличение скорости математических расчетов и получение сводных данных.

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

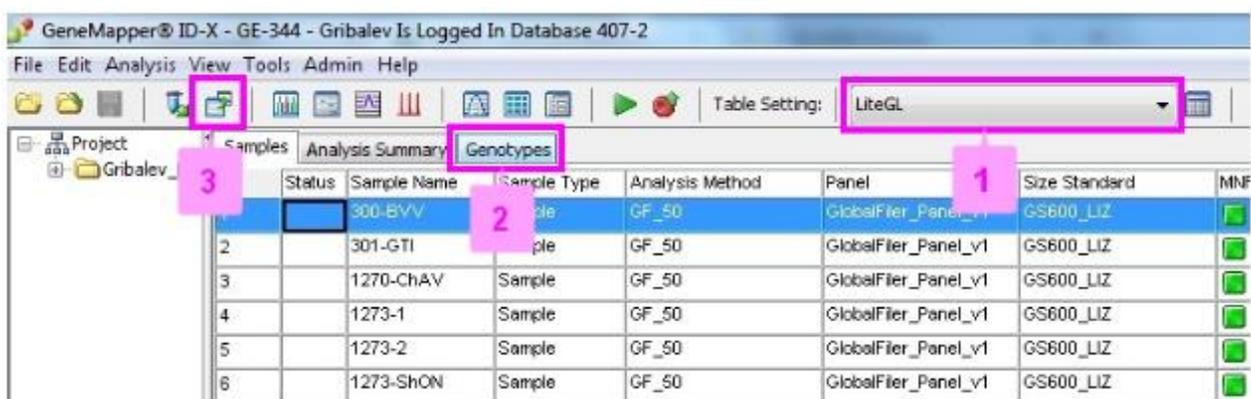
В случае необходимости для однообразного использования частот встречаемости доступ к редактированию библиотеки локусов и аллелей может быть заблокирован.

2. Создание файла экспорта проекта

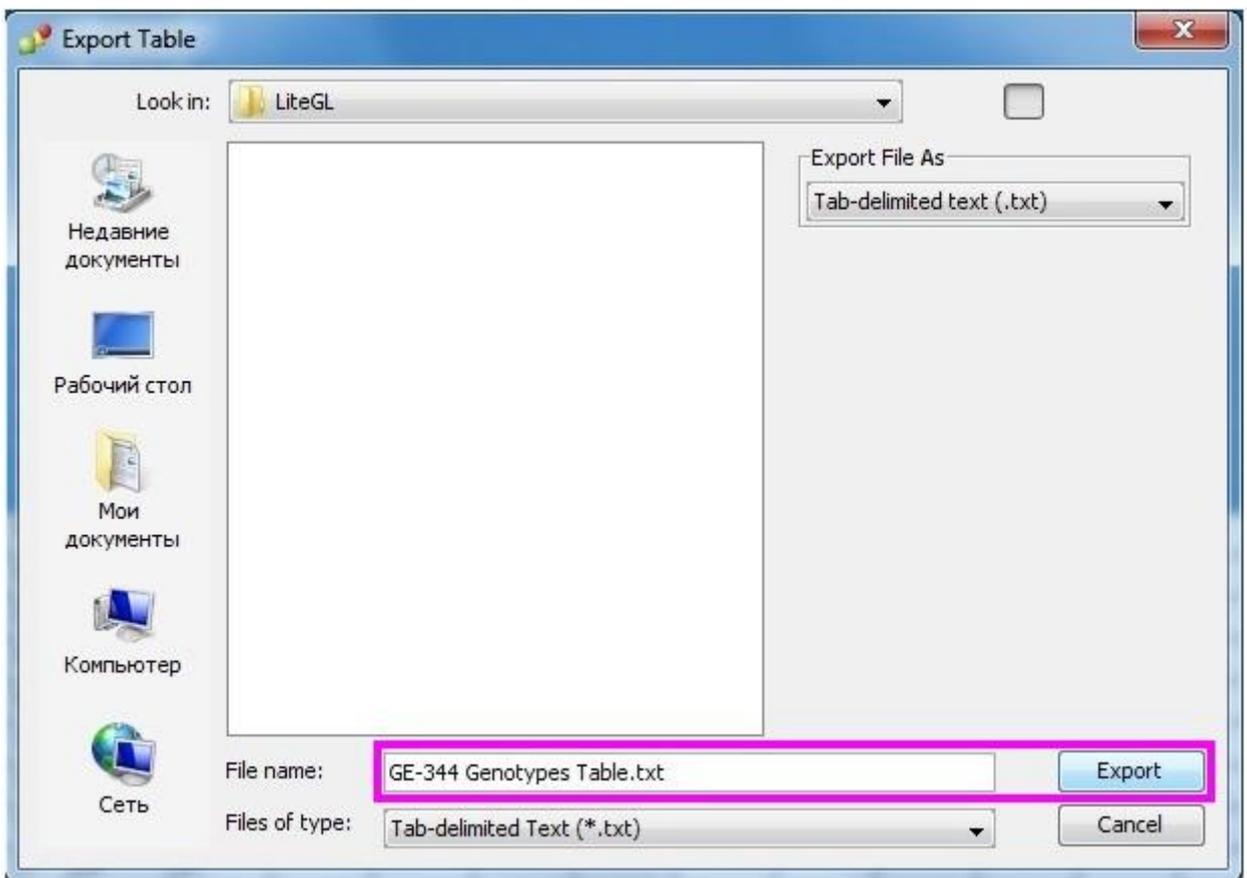
Файл экспорта содержит итоговые результаты анализа проведенного электрофореза в ПО «GeneMapper» и требуется для переноса этих данных в HeliconGen для дальнейшей работы с ними.

Для его создания необходимо сделать несколько простых шагов:

1. В "Table Setting" выбираем ранее сохраненный профиль таблицы проекта.
2. Переходим во вкладку "Genotypes".
3. Нажимаем кнопку "Export Table".



В открывшемся окне, можно изменить имя сохраняемого файла и выбрать место для его сохранения:



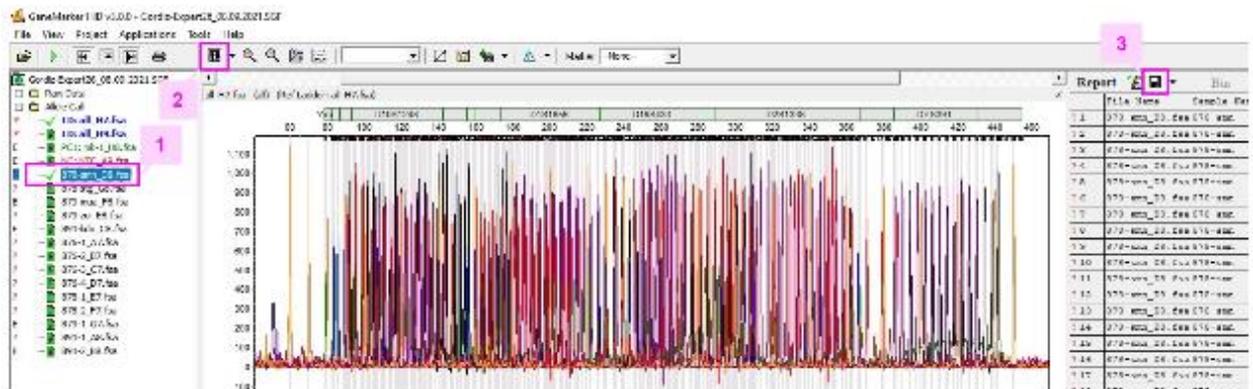
В полях «Export File As» и «Files of type» должен быть выбран тип файла с расширением «.txt».

Нажатию кнопки "Export" экспортируем файл в выбранное место для его сохранения.

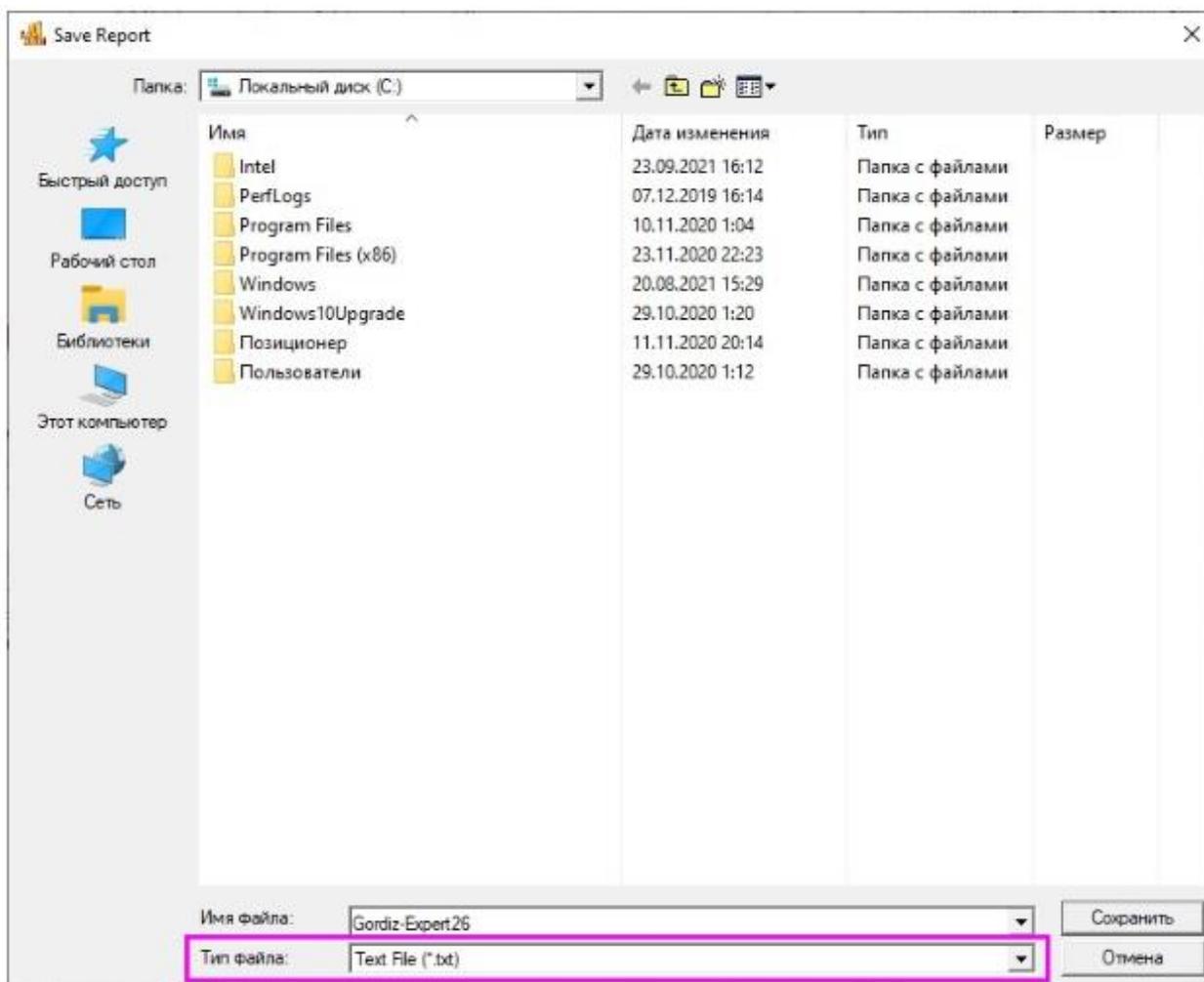
3. Создание файла экспорта проекта

После проведения анализа электрофореза в ПО «GeneMarker», необходимо:

1. Отметить профили, данные которых необходимо включить в файл экспорта.
2. Отметить все красители.
3. Нажимаем кнопку "Save Report".



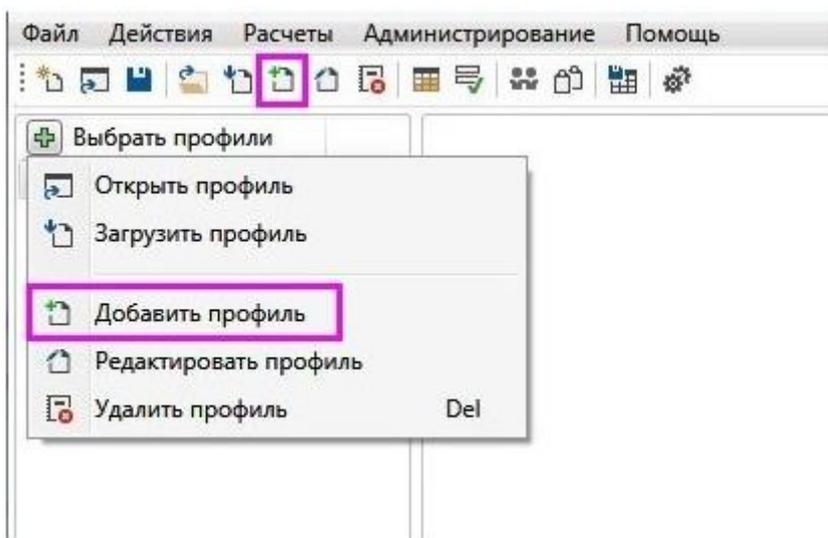
В открывшемся окне, в поле «Тип файла (Files of type)» должен быть выбран тип файла с расширением .txt: «Text File.txt». Так же можно изменить имя сохраняемого файла и выбрать место для его сохранения:



Нажатием кнопки "Сохранить (Save)" экспортируем файл с данными в выбранное место для его сохранения.

4. Ручной ввод профиля

В области для загрузки исследуемых профилей нажать кнопку «+» и выбрать «добавить профиль», либо нажать кнопку «добавить профиль» в панели инструментов:

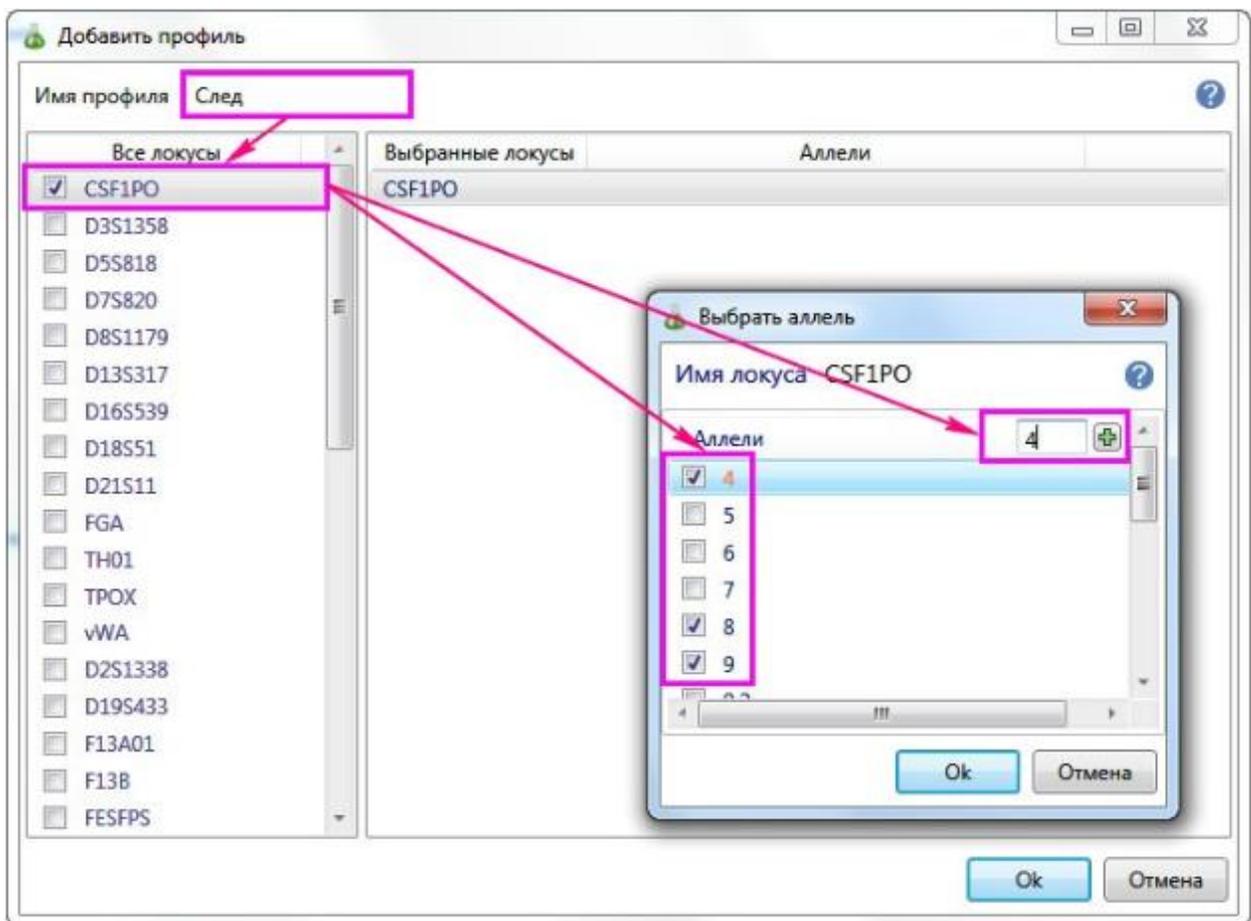


В открывшемся окне задать имя профиля, затем в левой половине окна со списком известных локусов выбрать необходимый локус, который отобразится в правой половине окна. Двойное нажатие (double click) на названии отобразившегося локуса (как в левой, так и в правой области окна) позволит выбрать необходимые аллели данного локуса.

Можно, например, в первую очередь отметить все необходимые локусы в левой области окна, а затем, с помощью двойного нажатия по необходимому локусу в правой части окна, заполнять необходимые аллели.

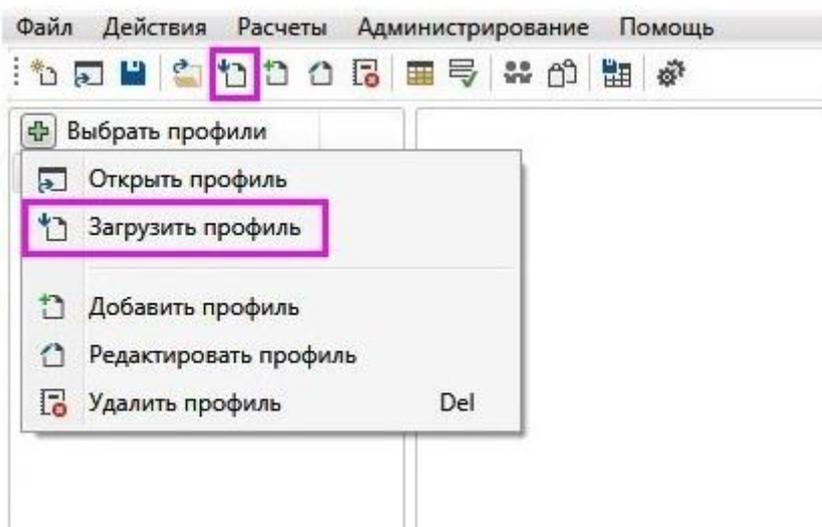
При необходимости ввода аллелей, отсутствующих в библиотеке локусов, можно воспользоваться полем для ручного ввода. Введенные неизвестные (редкие) аллели будут отмечаться красным цветом. Если набранный в поле аллель уже имеется в библиотеке, то он будет автоматически отмечен.

Профиль локуса можно вводить полностью в ручном режиме с помощью клавиатуры. Переведите курсор в поле для ввода в ручном режиме, введите название (номер) аллели, нажмите «Enter», после этого поле очистится и будет готово для ввода следующей аллели. Если в пустом поле ничего не вводить и нажать «Enter», то профиль сохранится и окно закроется.



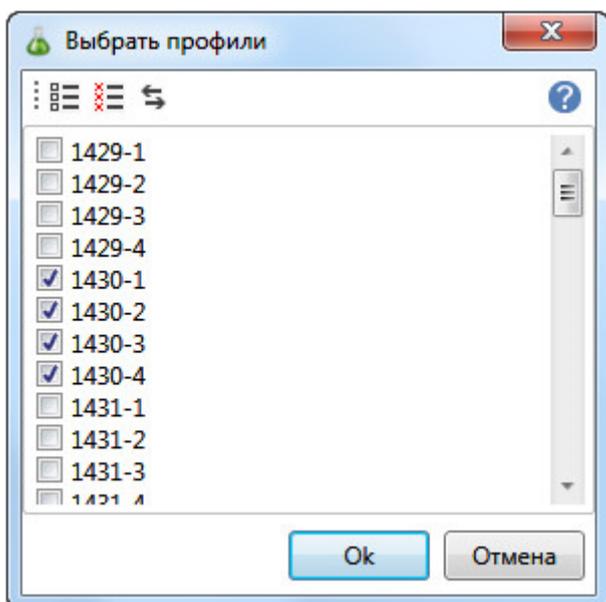
5. Ввод профиля из файла

В области для загрузки исследуемых профилей нажать кнопку «+» и выбрать «загрузить профиль», либо нажать кнопку «загрузить профиль» в панели инструментов:



В появившемся диалоговом окне указать путь к файлу и открыть его. В следующем открывшемся диалоговом окне выбрать

необходимые профили и нажать кнопку «Ок» (в панели инструментов данного окна, находятся кнопки, позволяющие: выбрать всё, очистить всё или инвертировать выбор):



После чего, выбранные профили отобразятся в области исследуемых профилей в главном окне программы.

6. Открытие (просмотр) профиля

Двойное нажатие (double click) на название профиля, в области исследуемых профилей основного окна программы, либо через контекстное меню (с помощью правой кнопки мыши) – открывает окно с генотипом профиля на «рабочем столе» основного окна программы.

Файл Действия Расчеты Администрирование Помощь

Выбрать профили

1430-1

1430-2

1430-3

1430-4

След

Открыть профиль

Загрузить профиль

Добавить профиль

Редактировать профиль

Удалить профиль Del

1430-2 (из файла)

Локусы	Аллели
CSF1PO	11
D3S1358	16 22
D5S818	11 12 13
D7S820	8 11
D8S1179	14
D13S317	9
D16S539	11 12
D18S51	15 16
D21S11	30.2 33.2
FGA	21 22
TH01	8 9.3
TPOX	8 10
vWA	17 18 19 20
D2S1338	23 24 25
D19S433	13
SE33	15 16
D10S1248	14 15
D12S391	17 18.3 23
D1S1656	11 13
D22S1045	11 15
D2S441	10
Amelogenin	X
DYS391	
Yindel	

Контроль/Эксперт

● Из файла ● Созданный профиль ● Эксперты ● Контроли ⚡ Совпавшие профили

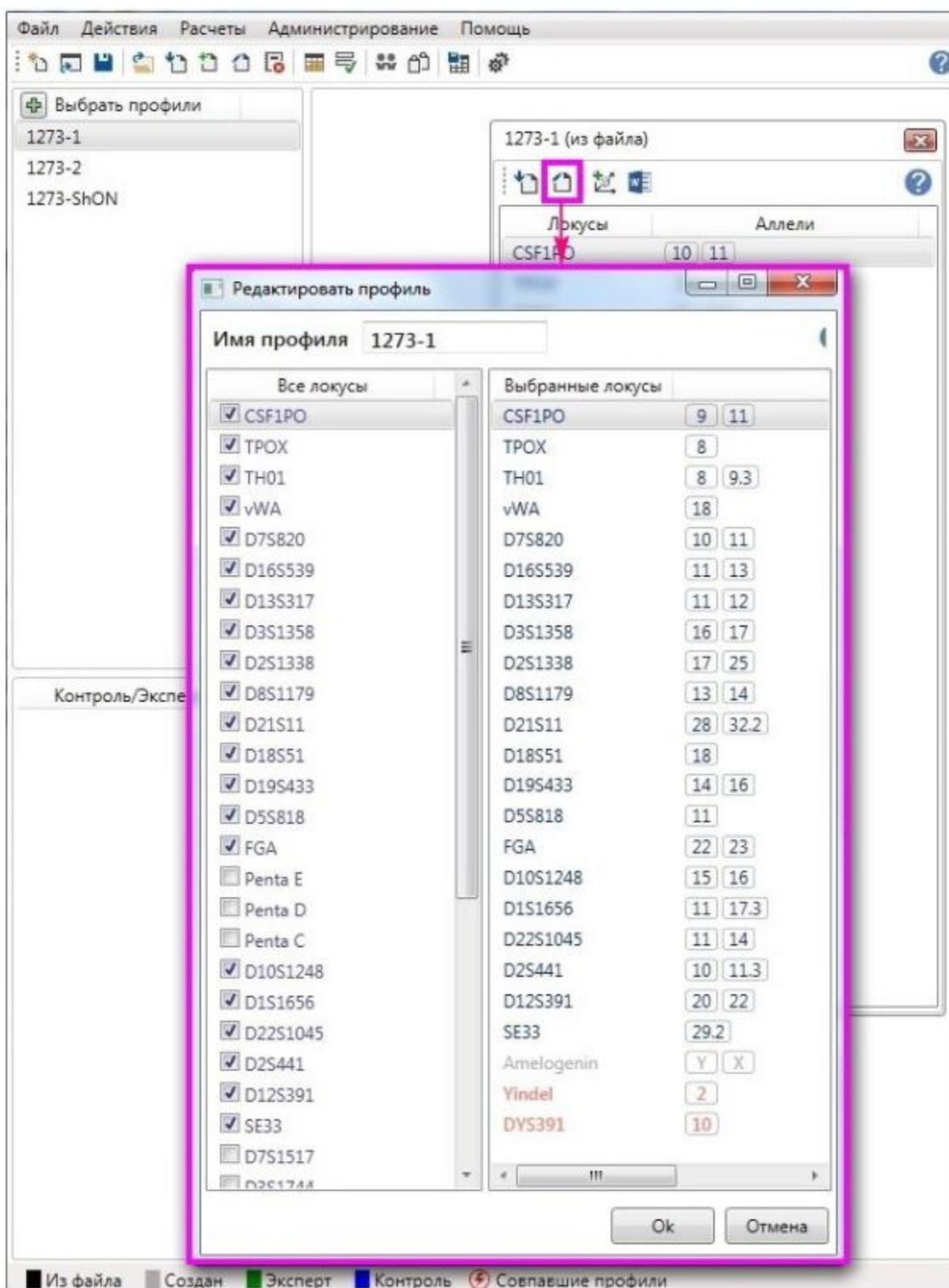
На представленном изображении видно, что локусы профиля имеют различную цветовую легенду:

- темно-синий – локусы, имеющиеся в библиотеке;
- серый – локусы, имеющиеся в библиотеке, но отмеченные в ней как «не расчетные», т.е. данные локусы не используются в вероятностно-статистической оценке совпадения генетических признаков.

- красный - неизвестные локусы и аллели – локусы и аллели отсутствующие в библиотеке локусов.

7. Редактирование профиля

Нажатие кнопки «редактировать профиль» открывает окно редактирования:



В данном окне возможно:

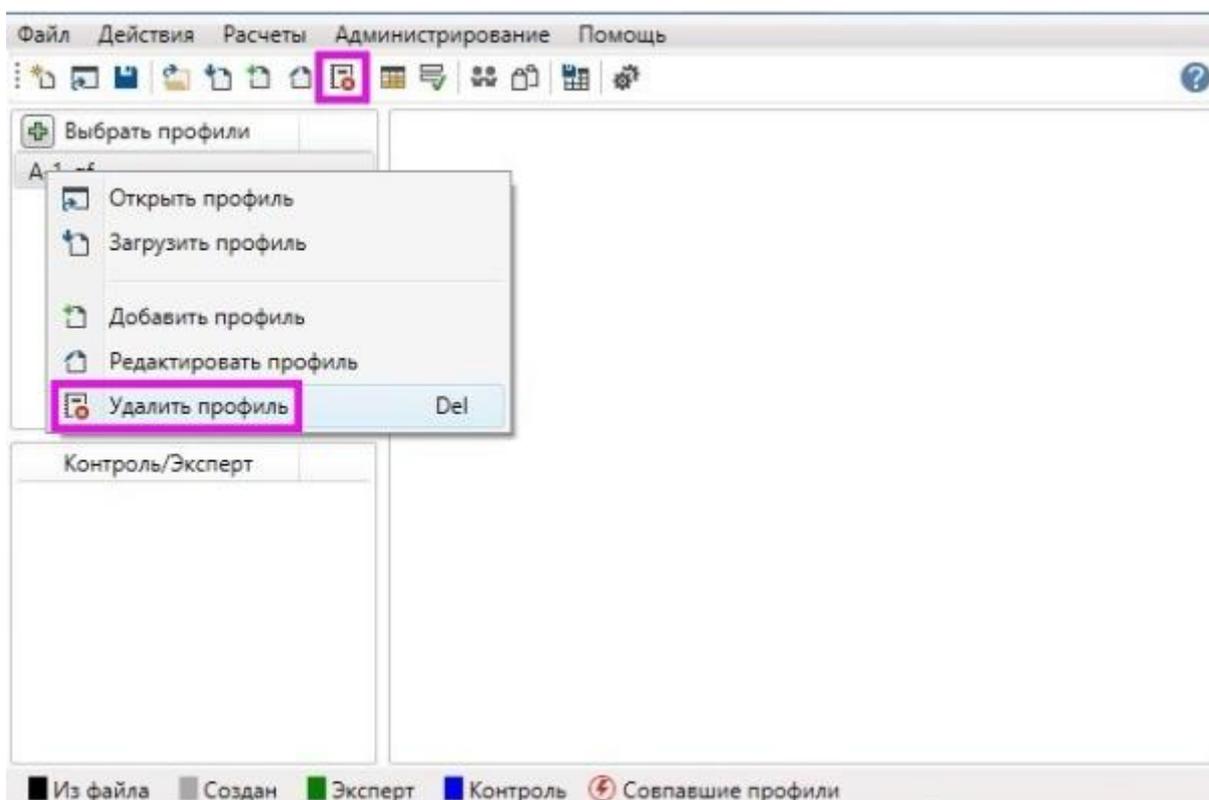
- изменить имя профиля;
- удалять и добавлять локусы и аллели в них;
- редактировать аллели в локусах.

Данные функции подробно рассмотрены в разделе [«Ручной ввод профиля»](#).

8. Удаление профиля

Удалить профиль можно:

- через контекстное меню;
- через соответствующую кнопку на панели инструментов;
- нажатием кнопки «Delete» на клавиатуре.



9. Дополнение (расширение) профиля

Данная функция позволяет добавлять дополнительные локусы, типированные другими амплификационными наборами. При загрузке дополнительных данных следует учитывать следующее:

- приоритет данных: локус, уже внесенный в профиль объекта, обладает большим приоритетом, чем профиль того же локуса, подгружаемого в профиль дополнительно. Если по какой-либо причине генотипы одного и того же локуса, типированного разными наборами реагентов, различаются, то при загрузке данных из дополнительного набора, генотип локуса, уже загруженного в программу, не изменится.

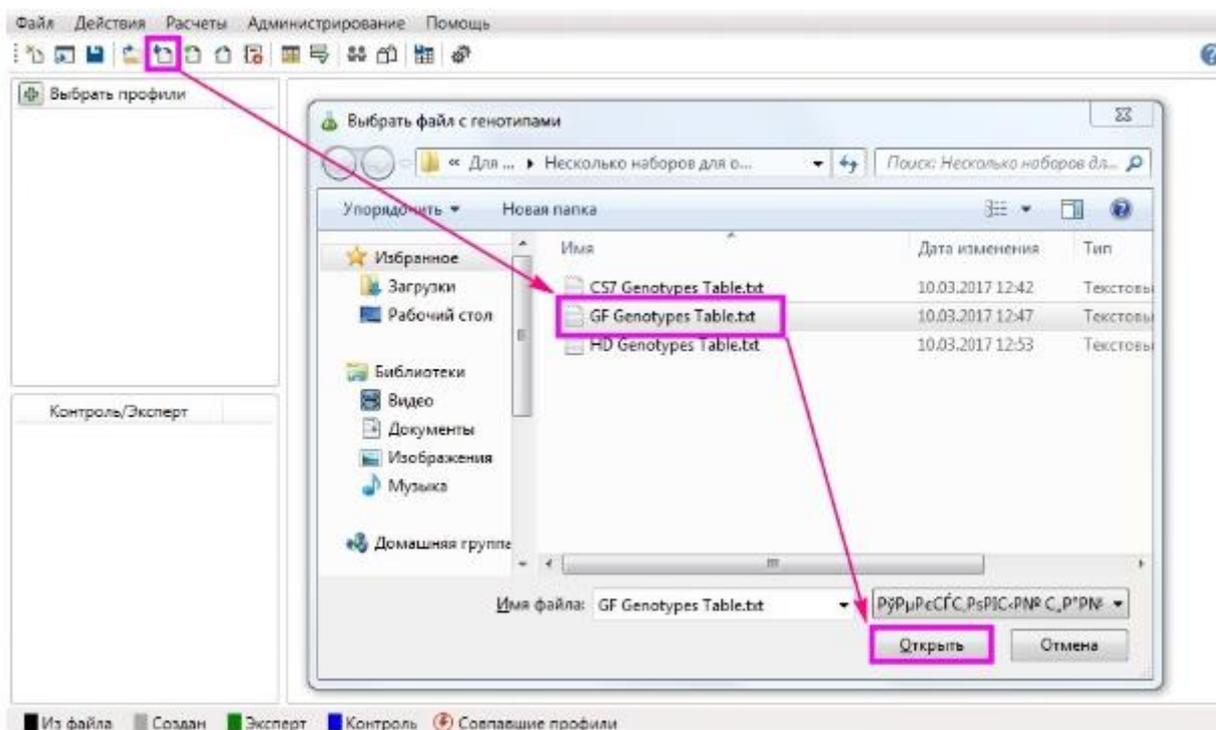
Например: уже загруженный профиль локуса D18S51 имеет генотип: 15; 20, при добавлении данных, полученных другим набором, в котором так же есть локус D18S51, но с генотипом 15; 15, генотип локуса D18S51 останется прежним: 15; 20, т.к. эти данные были загружены раньше.

- профиль локуса, типированного другим набором реагентов и подгружаемого в профиль дополнительно, может быть добавлен только в случае, если в том же локусе, уже внесенном в профиль, выявленные аллели отсутствуют.

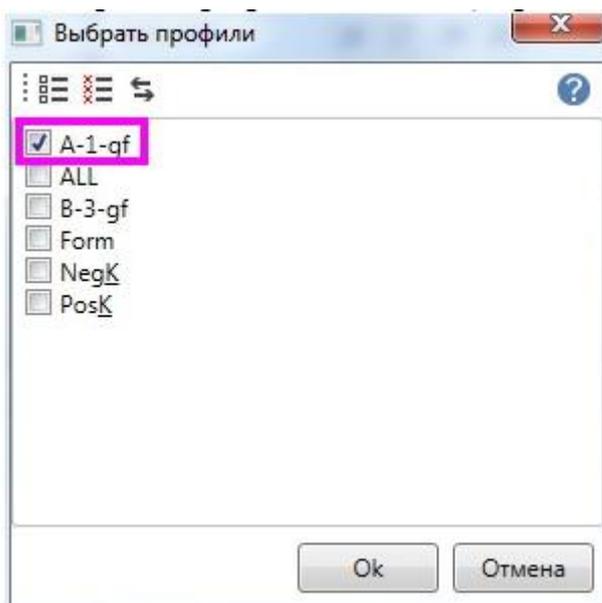
Например: уже загруженный профиль локуса D18S51 не имеет данных (есть название локуса, но нет подписанных аллелей), то при добавлении данных, полученных другим набором, в котором так же есть локус D18S51, но с генотипом 15; 20, генотип локуса D18S51 изменится (заполнится) как 15; 20, т.к. эти данные отсутствовали ранее.

Порядок работы:

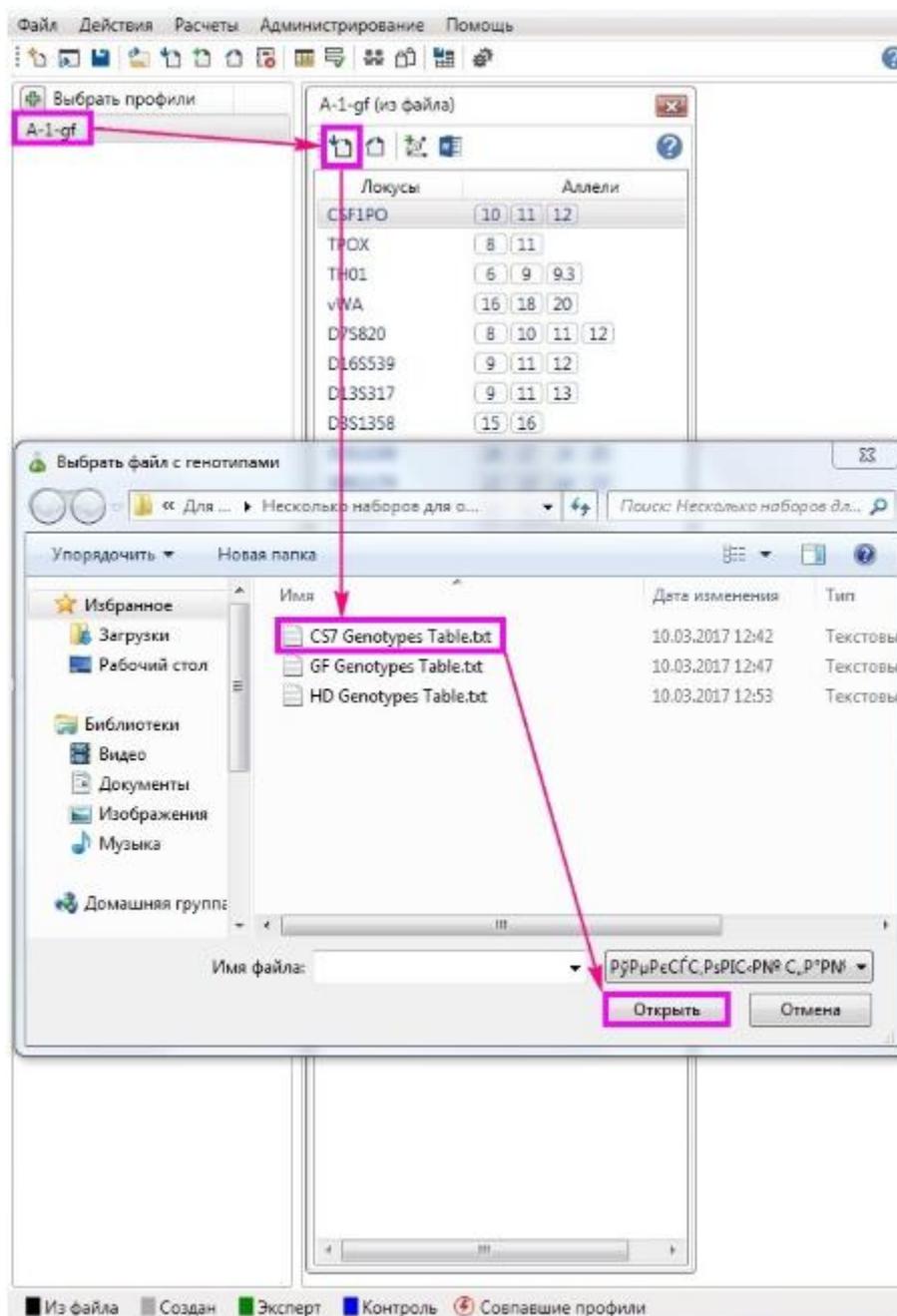
Загружаем профиль, полученный в результате типирования ДНК объекта (образца) первым набором реагентов:



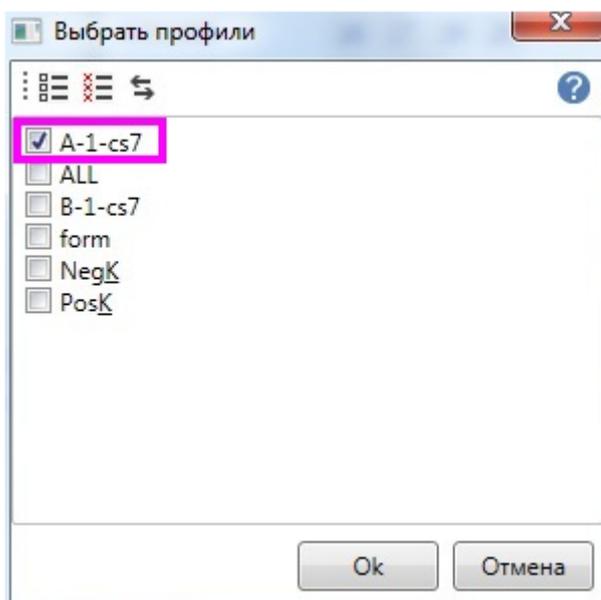
Выбираем профиль объекта (образца) и загружаем его:



После того как профиль появился в области «исследуемых профилей» главного окна программы, открываем его на «рабочем столе» основного окна программы. Затем с помощью кнопки «Загрузить профиль» в открывшемся окне выбираем следующий профиль, полученный в результате типирования ДНК того же объекта (образца) дополнительным набором реагентов.



Отмечаем профиль этого же объекта (образца), типированного дополнительным набором реагентов:



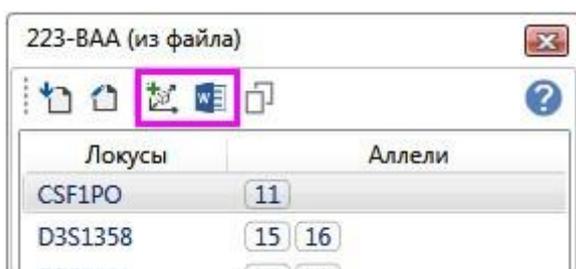
При необходимости аналогичные действия повторяем с профилями других объектов (образцов).

Примечание: Работа данной функции абсолютно не зависит от того, в одном экспортном файле или в нескольких находятся требуемые данные.

В результате получаем генетический профиль исследуемого объекта (образца), типированного несколькими наборами реагентов, который можно сохранить как проект программы и при необходимости открыть в уже готовом (объединенном) виде.

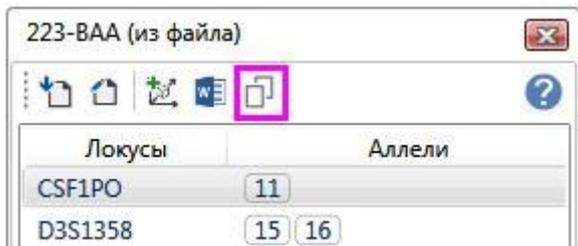
10. Прямая идентификация

Вывод таблицы с расчетом прямой идентификации (Excel или Word) возможен с помощью нажатия соответствующей кнопки в окне профиля:



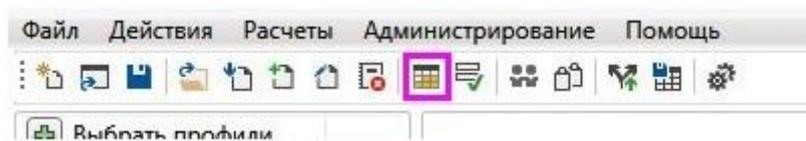
11. Генотип в «строку»

При нажатии соответствующей кнопки в окне профиля данный генотип в текстовом (строчном) виде будет скопирован в буфер обмена, откуда он может быть вставлен в любой текстовый редактор.

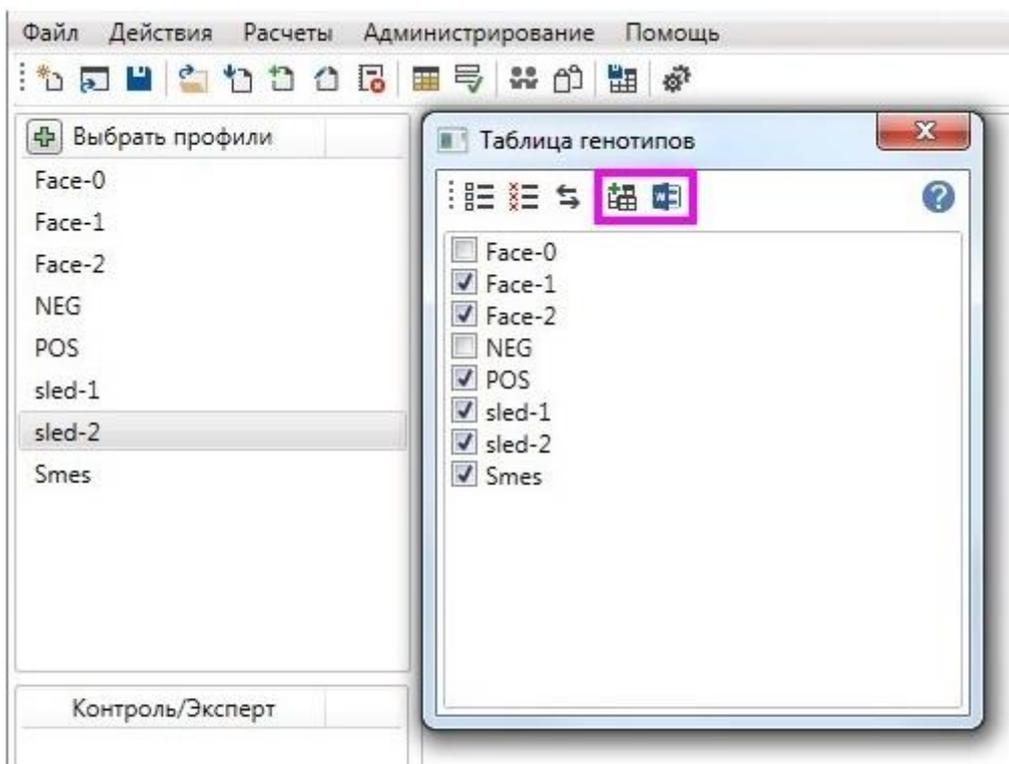


12. Таблица генотипов

Для получения сводной таблицы генотипов из текущего проекта нажмите кнопку «Таблица генотипов»:



В диалоговом окне необходимо выбрать интересующие профили и нажать на один из значков типа выгрузки: Excel или Word:



Примечание: порядок (последовательность) выбора генотипов, влияет на последовательность столбцов в выгружаемой таблице генотипов.

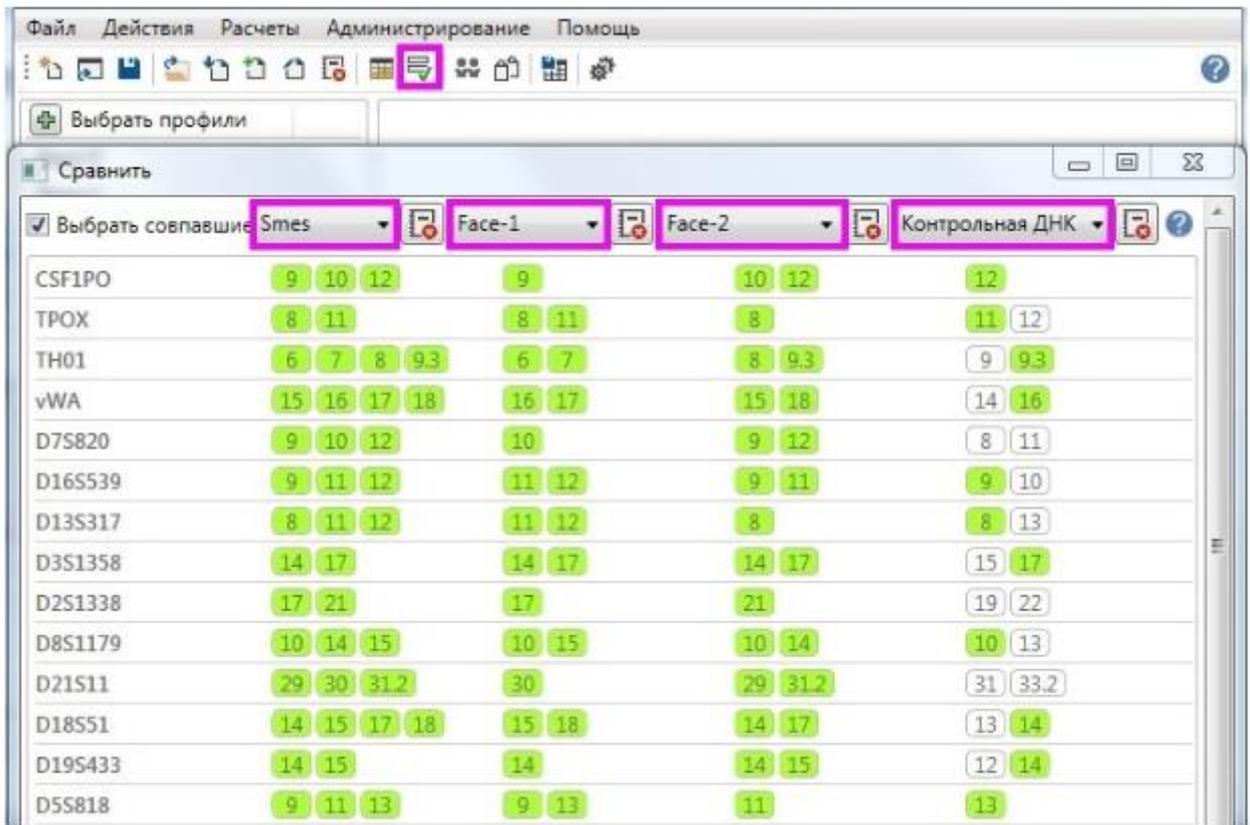
В результате получим таблицу генотипов:

Таблица генотипов

	Face-1	Face-2	POS	sled-1	sled-2
CSF1PO	9; 9	10; 12	11; 12	9; 9	10; 12
D3S1358	14; 17	14; 17	15; 16	14; 17	
D5S818	9; 13	11; 11	11; 11	9; 13	11; 11
D7S820	10; 10	9; 12	7; 12		
D8S1179	10; 15	10; 14	12; 13	10; 15	10; 14
D13S317	11; 12	8; 8	11; 11	11; 12	8; 8
D16S539	11; 12	9; 11	9; 10	11; 12	9; 11
D18S51	15; 18	14; 17	12; 15	15; 18	
D21S11	30; 30	29; 31.2	28; 31	30; 30	29; 31.2
FGA	20; 22	23; 23	24; 26		23; 23
TH01	6; 7	8; 9.3	7; 9.3	6; 7	8; 9.3
TPOX	8; 11	8; 8	8; 8	8; 11	8; 8
<u>vWA</u>	16; 17	15; 18	14; 16		15; 18
<u>Amelogenin</u>	X; X	X; Y	X; Y	X; X	X; Y
D2S1338	17; 17	21; 21	20; 23	17; 17	21; 21
D19S433	14; 14	14; 15	14; 15	14; 14	
SE33	16; 28.2	21; 21	17; 25.2		21; 21
D10S1248	14; 14	14; 16	12; 15	14; 14	14; 16
D12S391	17; 17	15; 20	18; 19	17; 17	
D1S1656	12; 19.3	13; 17	13; 16	12; 19.3	13; 17
D22S1045	11; 15	12; 14	11; 16	11; 15	
D2S441	10; 14	10; 14	14; 15	10; 14	10; 14
DYS391		10; 10	11; 11		10; 10
<u>Yindel</u>		2; 2	2; 2		2; 2

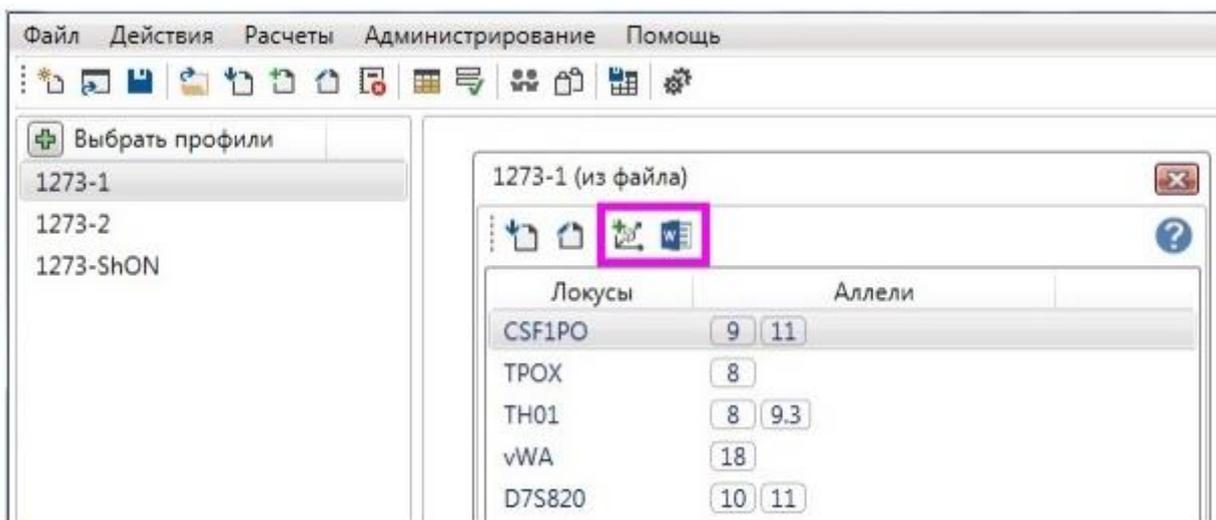
13. Ручное сравнение

Для запуска нажмите кнопку «сравнить» и выберите в открывшемся окне с помощью выпадающих списков сравниваемые профили:



14. Прямая идентификация

Для вероятностно-статистической оценки результатов типирования локусов ДНК, выделенной из объекта исследования, необходимо открыть интересующий профиль объекта и нажать одну из кнопок «прямая идентификация».



Результат расчета будет выгружен в Excel или Word:

Локусы	Частоты	Формула	Вероятность
CSF1PO	$p_{13}=0,0646$	p_{13}^2	4,173E-003
D3S1358	$p_{15}=0,2677$; $p_{17}=0,2182$	$2p_{15}p_{17}$	1,168E-001
D5S818	$p_{11}=0,3297$; $p_{13}=0,1564$	$2p_{11}p_{13}$	1,031E-001
D7S820	$p_7=0,013$; $p_{10}=0,2724$	$2p_7p_{10}$	7,082E-003
D8S1179	$p_{13}=0,3223$; $p_{14}=0,2146$	$2p_{13}p_{14}$	1,383E-001
D13S317	$p_{11}=0,3462$	p_{11}^2	1,199E-001
D16S539	$p_{10}=0,0598$; $p_{13}=0,1865$	$2p_{10}p_{13}$	2,231E-002
D18S51	$p_{14}=0,1667$; $p_{15}=0,16$	$2p_{14}p_{15}$	5,334E-002
Итого:			7,025E-012

Прямая идентификация

Вероятность случайного совпадения генетических признаков, выявленных в следах (об. № 2734-2) и в образце (крови, слюны, буккального эпителия) Ф.И.О. по совокупности признаков составляет:

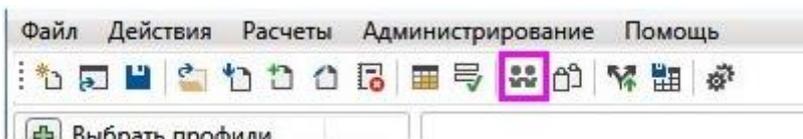
$$P = 7,025 \times 10^{-12} \text{ или } 1 : 1,424 \times 10^{11}$$

Полученная величина означает, что выявленным сочетанием генетических признаков теоретически обладает в среднем один из $1,424 \times 10^{11}$ человек. Полученное значение вероятности ($1 : 1,424 \times 10^{11}$) свидетельствует о том, что среди населения Земли (которое составляет около 7×10^9 человек) только один человек обладает выявленным сочетанием генетических признаков.

Таким образом, кровь человека (слюна, клетки, сперма) в следах (об. № 2734-2) произошла от Ф.И.О.

15. Родство

Для установления биологического родства необходимо открыть окно «родство»:



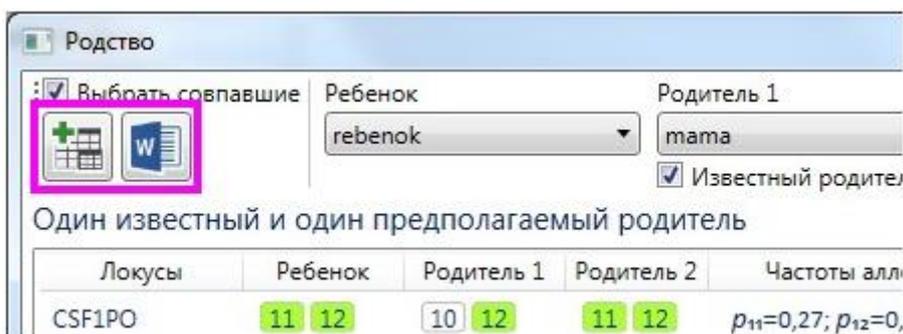
Определение вероятности случайного совпадения генетических признаков возможно для трех различных экспертных случаев:

1. Ребенок и один предполагаемый родитель.
2. Ребенок и два предполагаемых родителя.
3. Ребенок, один известный и один предполагаемый родитель.

Алгоритм расчета выбирается автоматически, в зависимости от заполнения соответствующих полей окна:

Лocusы	Ребенок	Родитель 1	Родитель 2	Частоты аллелей	Формула	Результат
CSF1PO	11 12	10 12	11 12	$p_{11}=0,27; p_{12}=0,3167$	$p_{11}(2-p_{11})$	4.671E-001
D3S1358	15 16	16 17	15 16	$p_{15}=0,2677; p_{16}=0,2667$	$p_{15}(2-p_{15})$	4.637E-001
D5S818	7 11	7 11	11 12	$p_7=0,01; p_{11}=0,3297$	$(p_7+p_{11})*(2-p_7+p_{11})$	5.640E-001
D7S820	9	9 12	9 10	$p_9=0,1327$	$p_9(2-p_9)$	2.478E-001
D8S1179	12 14	12 14	12 13	$p_{12}=0,1654; p_{14}=0,2146$	$(p_{12}+p_{14})*(2-p_{12}+p_{14})$	6.156E-001
D13S317	8 12	8 11	12 13	$p_8=0,1464; p_{12}=0,2259$	$p_{12}(2-p_{12})$	4.008E-001
D16S539	9 11	9 13	11	$p_9=0,1223; p_{11}=0,271$	$p_{11}(2-p_{11})$	4.686E-001
D18S51	10 13	13 16	10 14	$p_{10}=0,0061; p_{12}=0,1137$	$p_{10}(2-p_{10})$	1.216E-002
D21S11	33 2	32 2 33 2	29 33 2	$p_{22-2}=0,0409$	$p_{22-2}(2-p_{22-2})$	8.013E-002
FGA	20 25	20	25	$p_{20}=0,1194; p_{25}=0,083$	$p_{25}(2-p_{25})$	1.591E-001
TH01	6 7	7	6 7	$p_6=0,2454; p_7=0,1533$	$p_6(2-p_6)$	4.306E-001

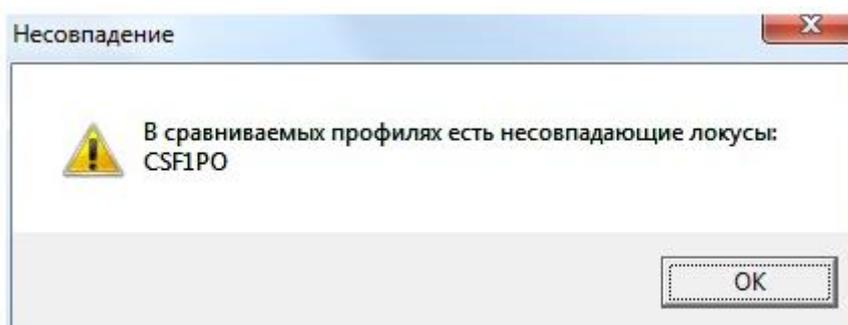
Результаты расчета можно экспортировать в Excel или Word:



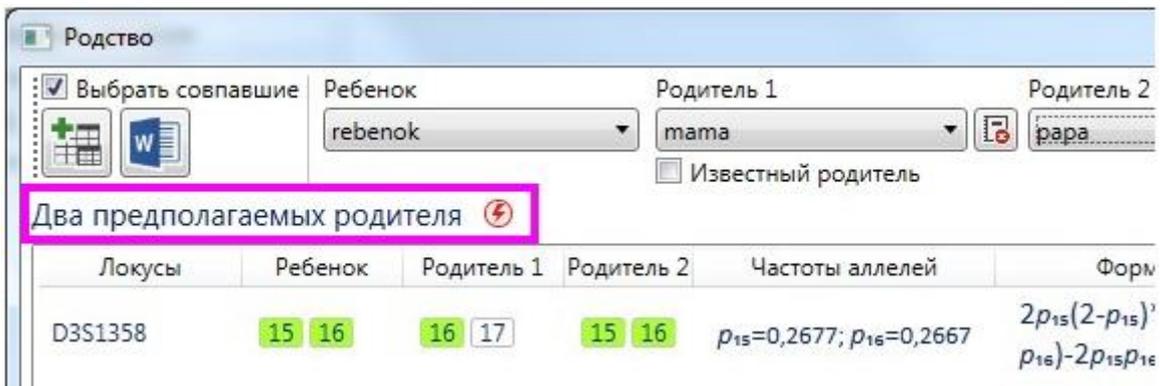
Один известный и один предполагаемый родитель

Локус	Частоты	Формула	Результат
CSF1PO	$p_{11}=0,27;$ $p_{12}=0,3167$	$p_{11}(2-p_{11})$	4,671E-001
D3S1358	$p_{15}=0,2677;$ $p_{16}=0,2667$	$p_{15}(2-p_{15})$	4,637E-001
D5S818	$p_7=0,01;$ $p_{11}=0,3297$	$(p_7+p_{11})*(2-p_7+p_{11})$	5,640E-001
D7S820	$p_9=0,1327$	$p_9(2-p_9)$	2,478E-001
D8S1179	$p_{12}=0,1654;$ $p_{14}=0,2146$	$(p_{12}+p_{14})*(2-p_{12}+p_{14})$	6,156E-001
D13S317	$p_8=0,1464;$	$p_8(2-p_8)$	4,008E-001

В случае, если в одном или нескольких локусах, будут выявлены генетические признаки, которые не будут удовлетворять условию родства, то расчет будет произведен только по локусам, удовлетворяющим данному условию, а также будет выведено предупреждение:



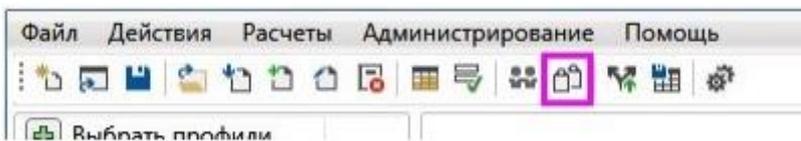
В строке с методом расчета отобразится предупреждающий знак в виде «молнии»:



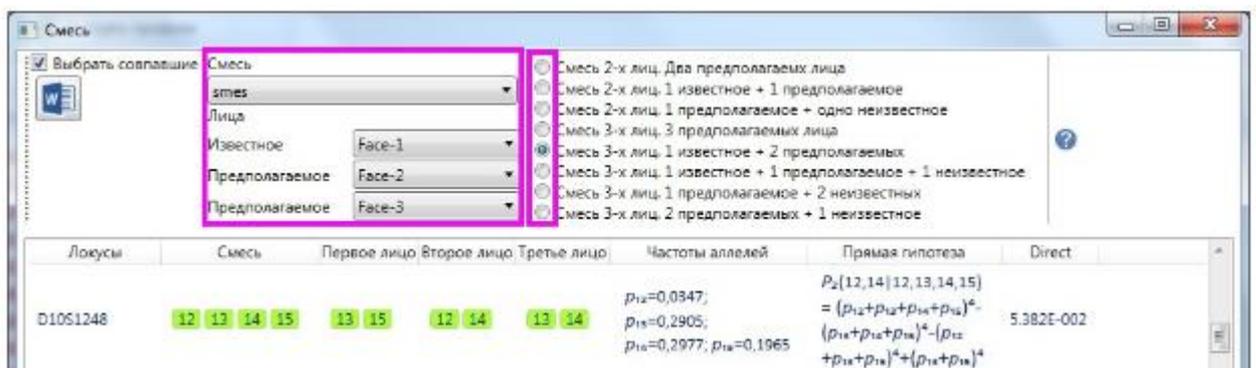
При нажатии на значок «молнии» откроется окно сравнения профилей.

16. Смеси

Для вероятностно-статистической оценки идентификационной значимости генетических признаков, выявленных в следах, содержащих ДНК двух или более лиц, необходимо открыть соответствующее окно «Смесь»:



В открывшемся окне необходимо выбрать вариант расчета и исследуемые профили:



Результаты расчета можно экспортировать в Word:

Расчет вероятности случайного совпадения смеси 3-х лиц (одно известное и два предполагаемых)

Локус	Частоты	Формула	Результат
D3S1358	$p_{14}=0,1148;$ $p_{15}=0,2677;$ $p_{16}=0,2667;$ $p_{18}=0,1204$	$P_2(14,15 14,15,16,18) =$ $(p_{14}+p_{15}+p_{16}+p_{18})^4 - (p_{15}+p_{16}+p_{18})^4 -$ $(p_{14}+p_{16}+p_{18})^4 + (p_{16}+p_{18})^4$	1,260E-001
D1S1656	$p_{11}=0,0627;$ $p_{12}=0,1604;$ $p_{15}=0,1517;$ $p_{18.3}=0,1256$	$P_2(11,12,18.3 11,12,15,18.3) =$ $(p_{11}+p_{12}+p_{15}+p_{18.3})^4 - (p_{12}+p_{15}+p_{18.3})^4 -$ $(p_{11}+p_{15}+p_{18.3})^4$	4,185E-003

Оценка идентификационной значимости генетических признаков, выявленных в «смешанных» объектах с помощью вероятности случайного совпадения, используется в следующих вариантах расчета:

Смесь 2-х лиц (2 предполагаемых лица)

Смесь 2-х лиц (1 известное + 1 предполагаемое)

Смесь 3-х лиц (3 предполагаемых лица)

Смесь 3-х лиц (1 известное + 2 предполагаемых)

Оценка идентификационной значимости генетических признаков, выявленных в «смешанных» объектах с помощью отношения вероятностей двух альтернативных событий LR (Likelihood Ratio), используется в следующих вариантах расчета:

Смесь 2-х лиц (1 предполагаемое + 1 неизвестное)

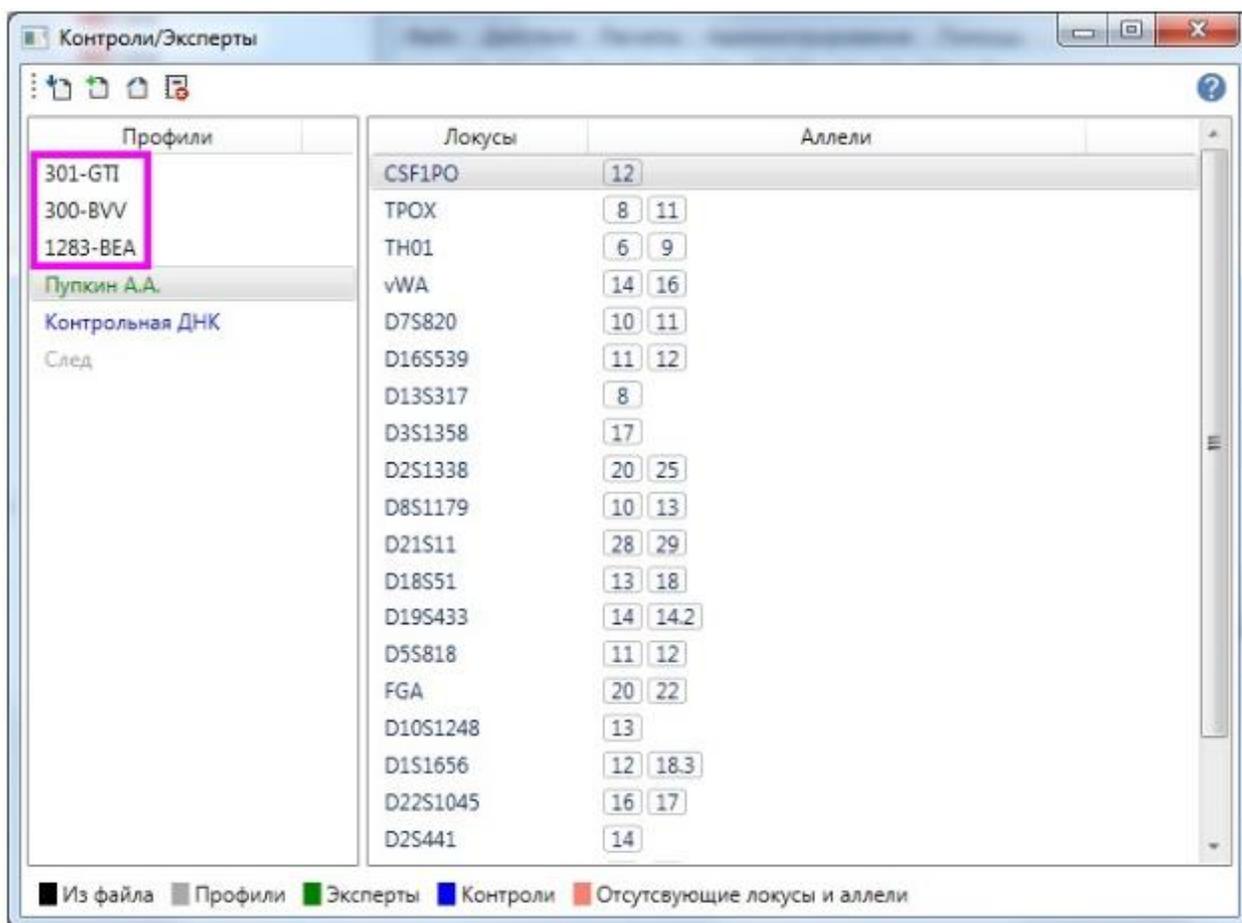
Смесь 3-х лиц (1 известное + 1 предполагаемое + 1 неизвестное)

Смесь 3-х лиц (1 предполагаемое + 2 неизвестных)

Смесь 3-х лиц (2 предполагаемых + 1 неизвестное).

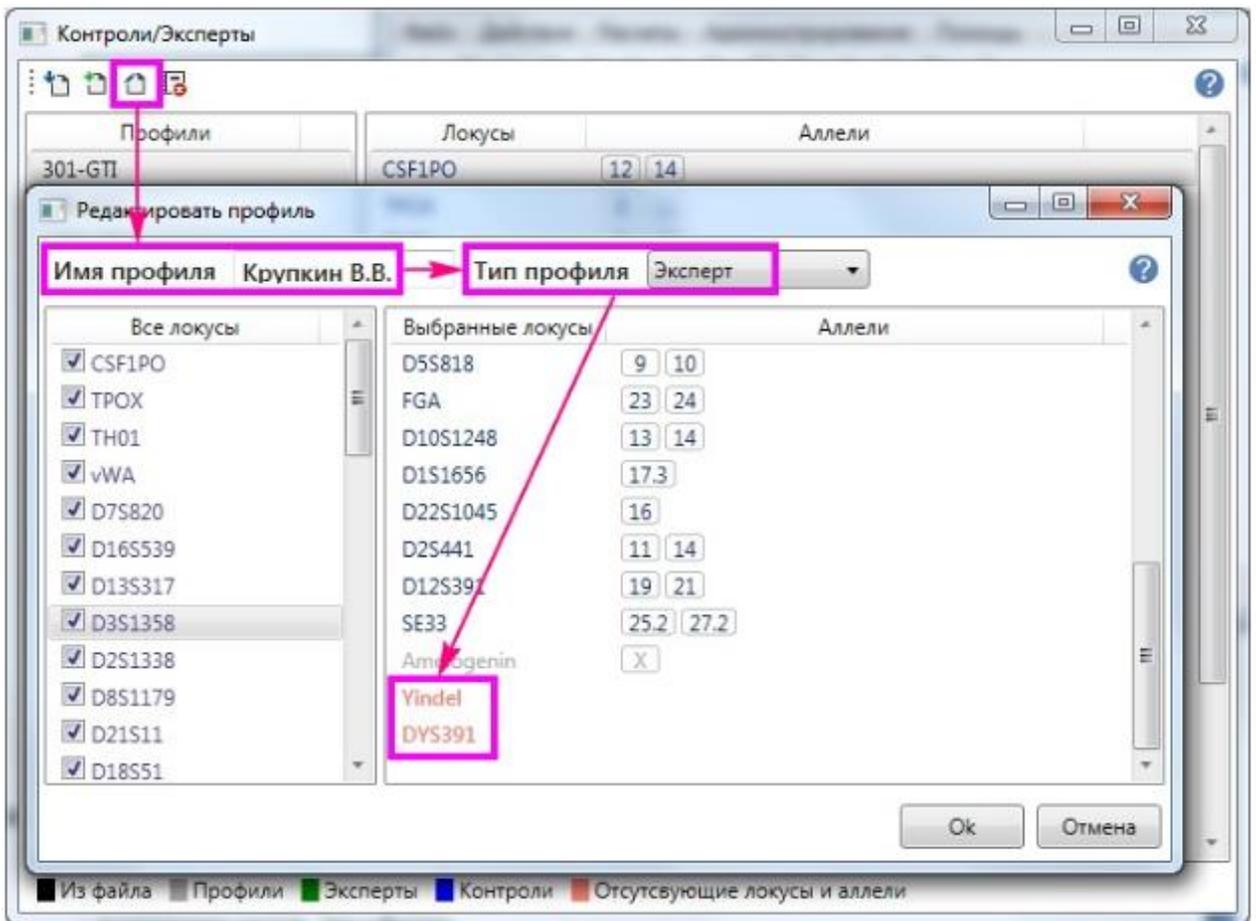
17. Особенности добавления профилей из файла

При загрузке одного или нескольких профилей из файла в левой части окна со списком профилей появятся их названия шрифтом черного цвета:

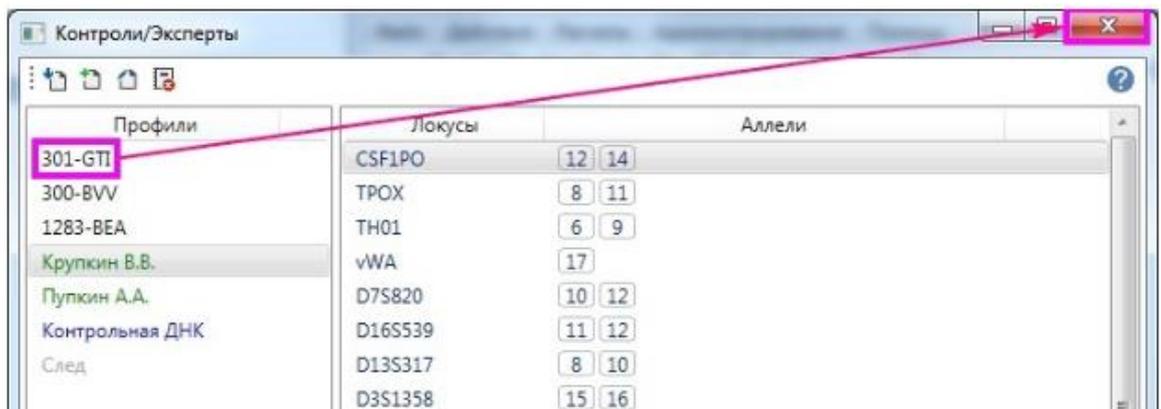


Черный шрифт названия профилей означает, что данные загружены, но не сохранены. Если на данном этапе закрыть окно программы, загруженные профили не сохранятся. Для сохранения загруженных данных необходимо:

1. Открыть профиль (кнопка «редактировать профиль»).
2. Задать имя профиля.
3. Задать тип профиля.
4. Удалить (при наличии) неизвестные локусы (локусы, выделенные красным цветом, отсутствующие в библиотеке локусов).



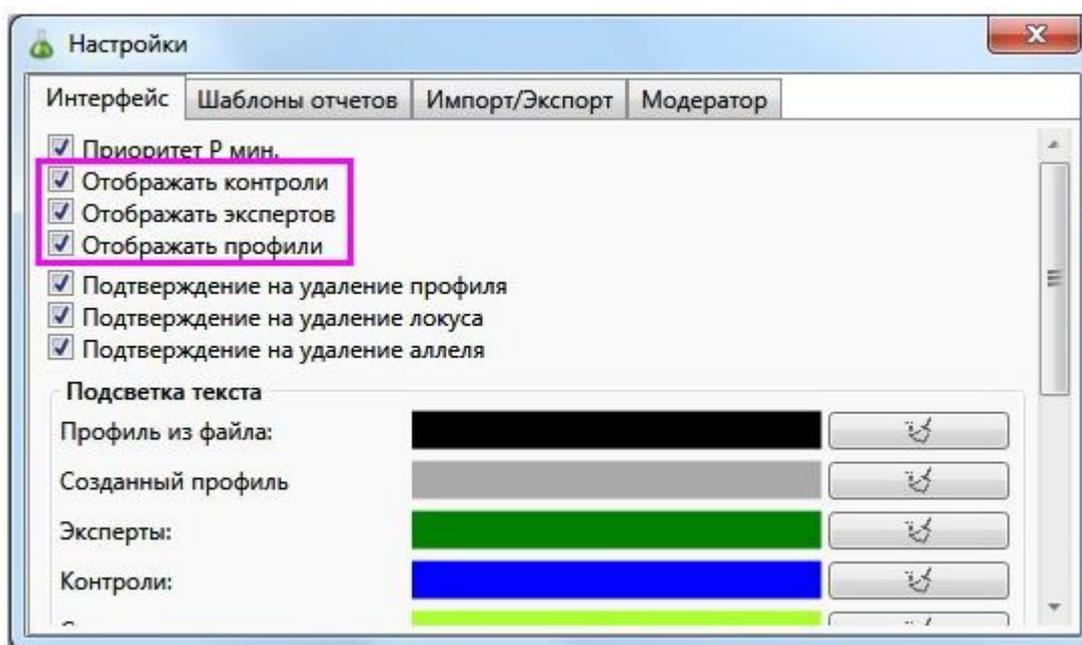
Нажатие на кнопку «Ok» сохранит профиль в базе данных. При этом исходный загруженный профиль все еще останется в списке профилей и удалится после закрытия окна:



Профили из БД могут быть использованы в следующих случаях:

- для их сравнения с загружаемыми (как в ручном, так и в автоматическом режиме) профилями;
- для использования в расчетах;
- для выгрузки профилей в сводную таблицу генотипов;

Вышеуказанные манипуляции с профилями из БД возможны при условии, что в настройках программы во вкладке «профили» отмечены типы профилей, отображаемые в главном окне программы:



Снятие отметки с того или иного типа профиля приводит к тому, что профили данного типа не отображаются в:

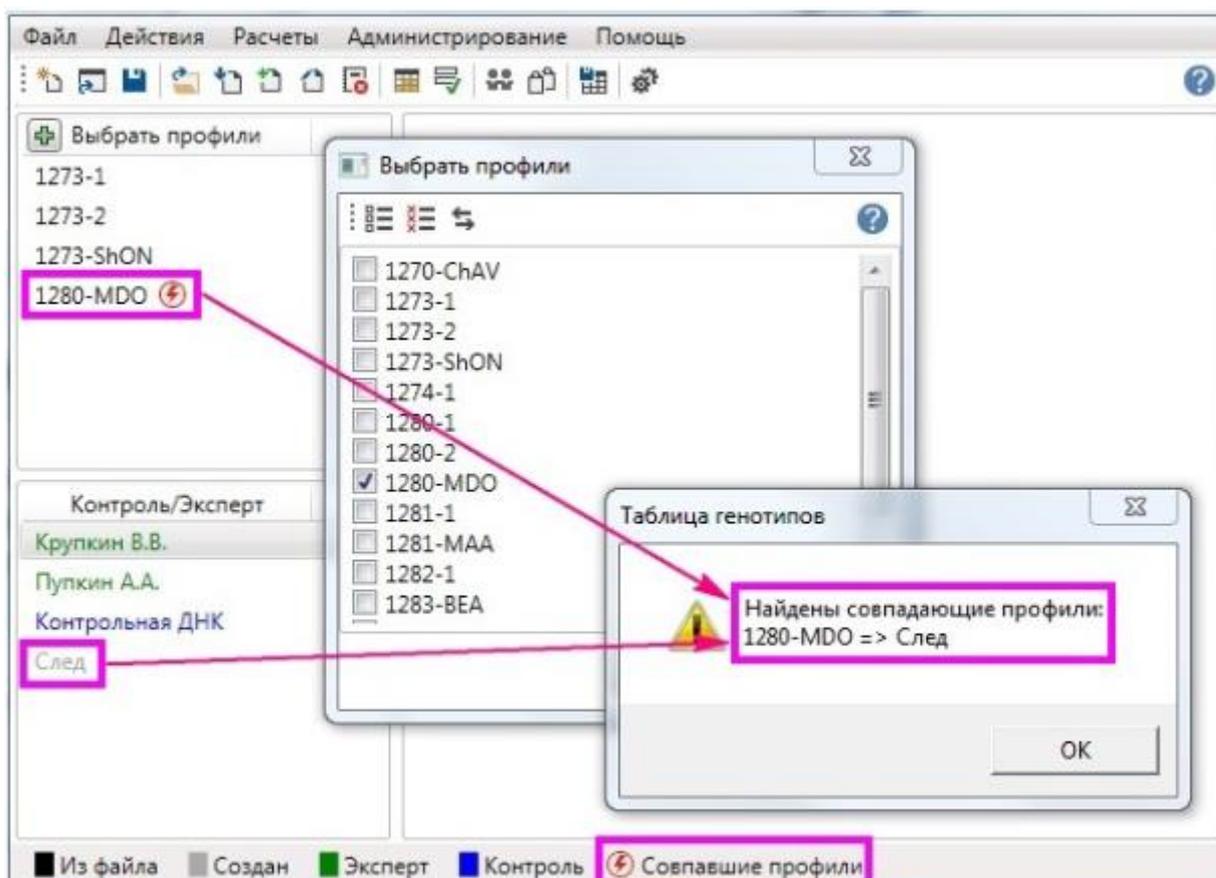
- области генотипов базы данных в основном окне программы;
- выпадающих списках разделов программы для расчетов и сравнения;
- списках генотипов для сводной таблицы генотипов.

А также они исключаются из функции автоматического сравнения с загружаемыми профилями.

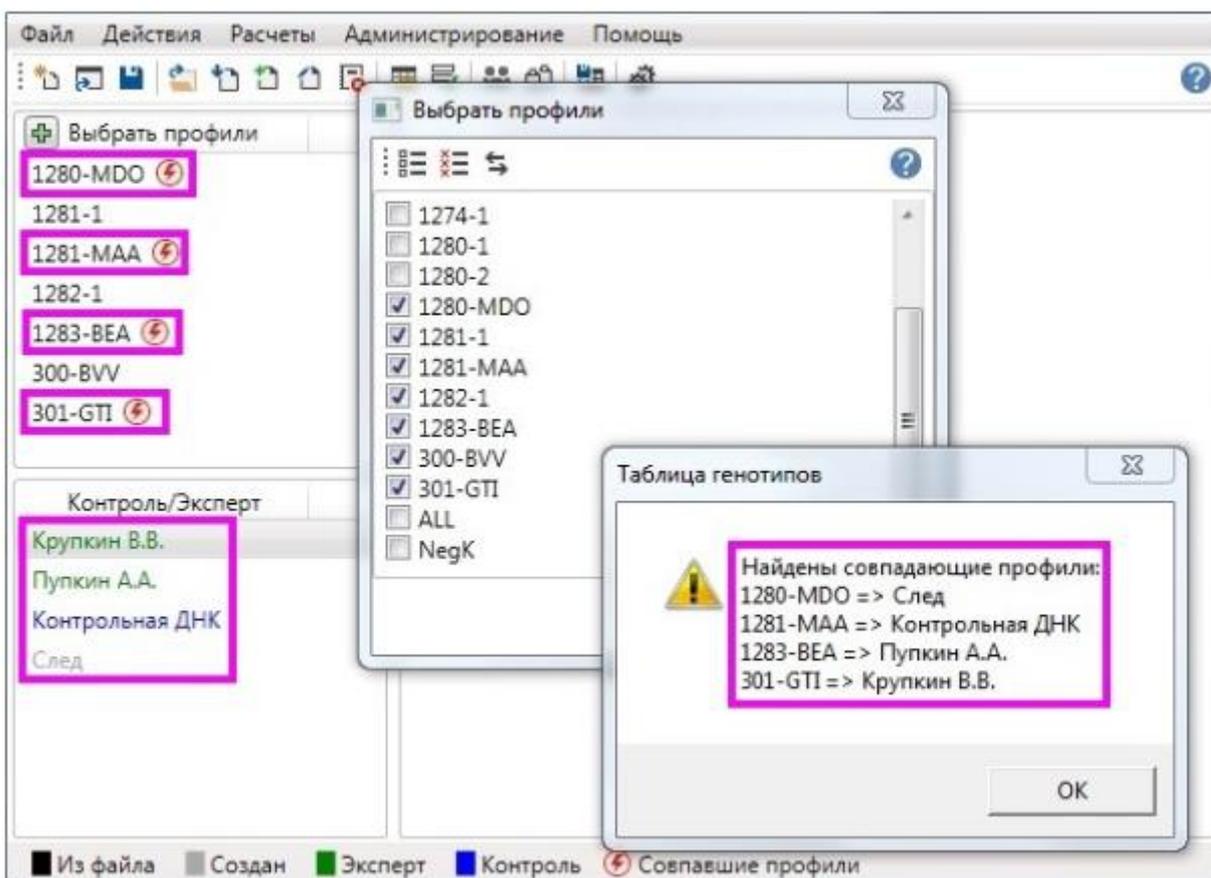
18. Автоматическое сравнение загружаемых генотипов с генотипами, сохраненными в база данных

При загрузке новых профилей в программу происходит автоматическое сравнение их с данными из БД на предмет полного или частичного совпадения. Сравнение происходит только с теми профилями, внесенными в БД, тип которых отмечен в «настройках» и отображается в главном окне программы в «области для отображения генотипов базы данных».

В случае совпадения генотипов будет выведено информационное окно о том, что с чем совпало, и совпавший генотип будет отмечен специальным знаком:



или даже так:



Сортировка локусов

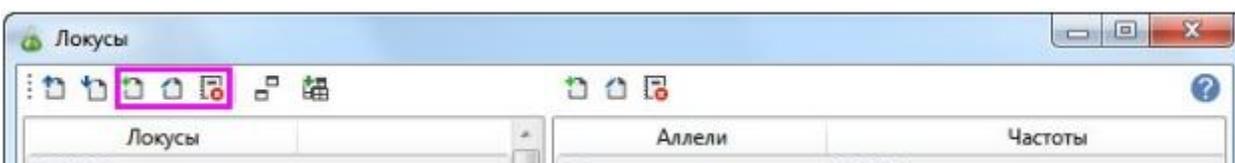
Сортировка локусов в данном разделе оказывает непосредственное влияние на отображение порядка локусов во всех разделах программы и выводимых данных:



СПРАВКА (Хеликон) (27.09.2021)_img50

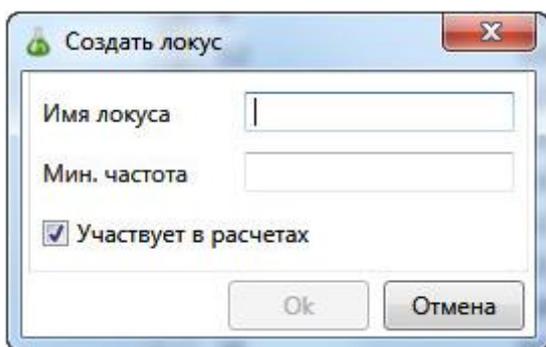
19. Создание, редактирование и удаление локусов

Позволяет редактировать, добавлять и удалять все необходимые данные:

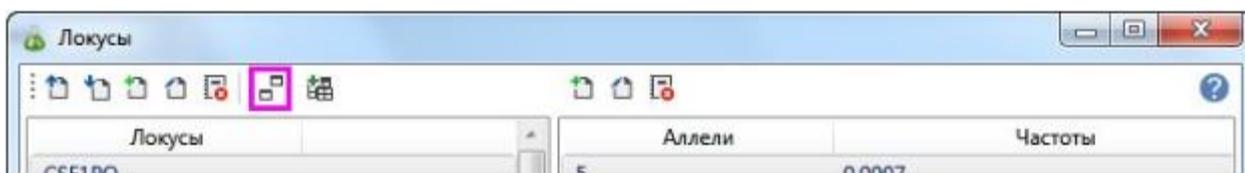


При создании локуса, необходимо указать его название, минимальную частоту и отметить, будет ли участвовать данный локус в расчетах.

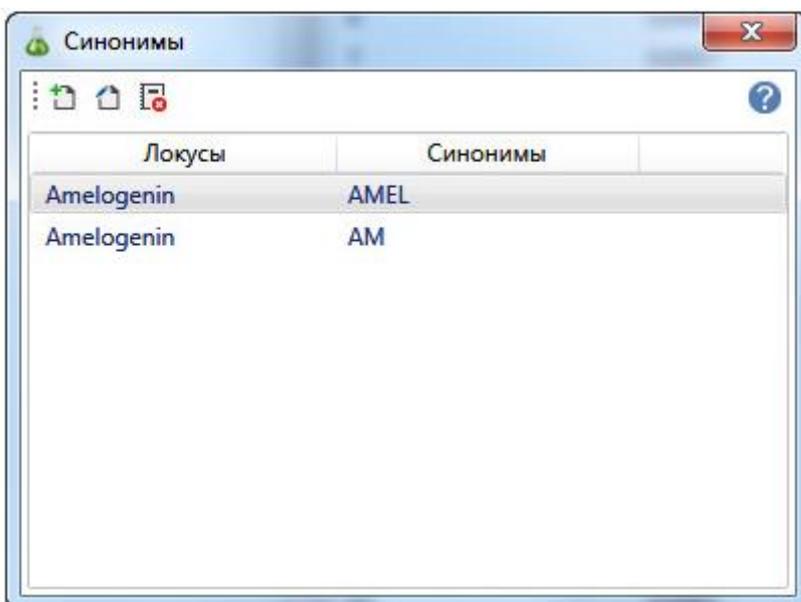
Если пункт «Участствует в расчетах» не отмечен, то данный локус в математических расчетах не учитывается, но его профиль выводится в таблицу генотипов и в «строчный» генотип:



20. Синонимы



Позволяет автоматически присвоить необходимое название загруженным локусам, наименования которых не соответствуют международной номенклатуре, в соответствии с именами локусов из библиотеки.



Например:

После анализа в ПО «GeneMapper» локус Амелогенин может выводиться в сокращенном виде «AM» или «AMEL». Программа HeliconGen позволяет автоматически изменить написание данного локуса на правильное.

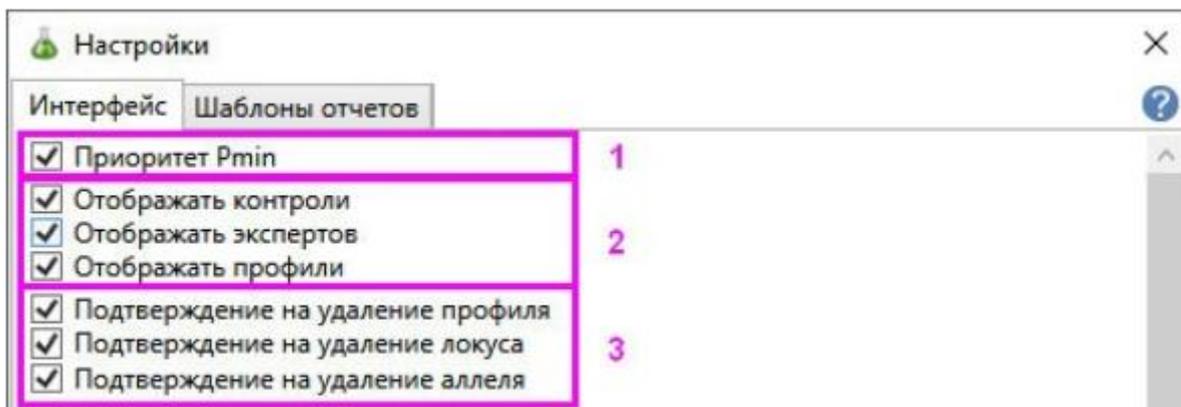
Экспорт библиотеки локусов

Функция «Выгрузить локусы в Excel» позволяет сохранить содержимое всей библиотеки локусов в виде файла таблиц (в демонстрационной версии отключена):



СПРАВКА (Хеликон) (27.09.2021)_img55

21. Настройки интерфейса



1. Приоритет P_{\min} – служит для указания приоритетов используемых частот на случай, если в библиотеке локусов есть аллели с частотами меньшими, чем указанная P_{\min} для конкретного локуса.

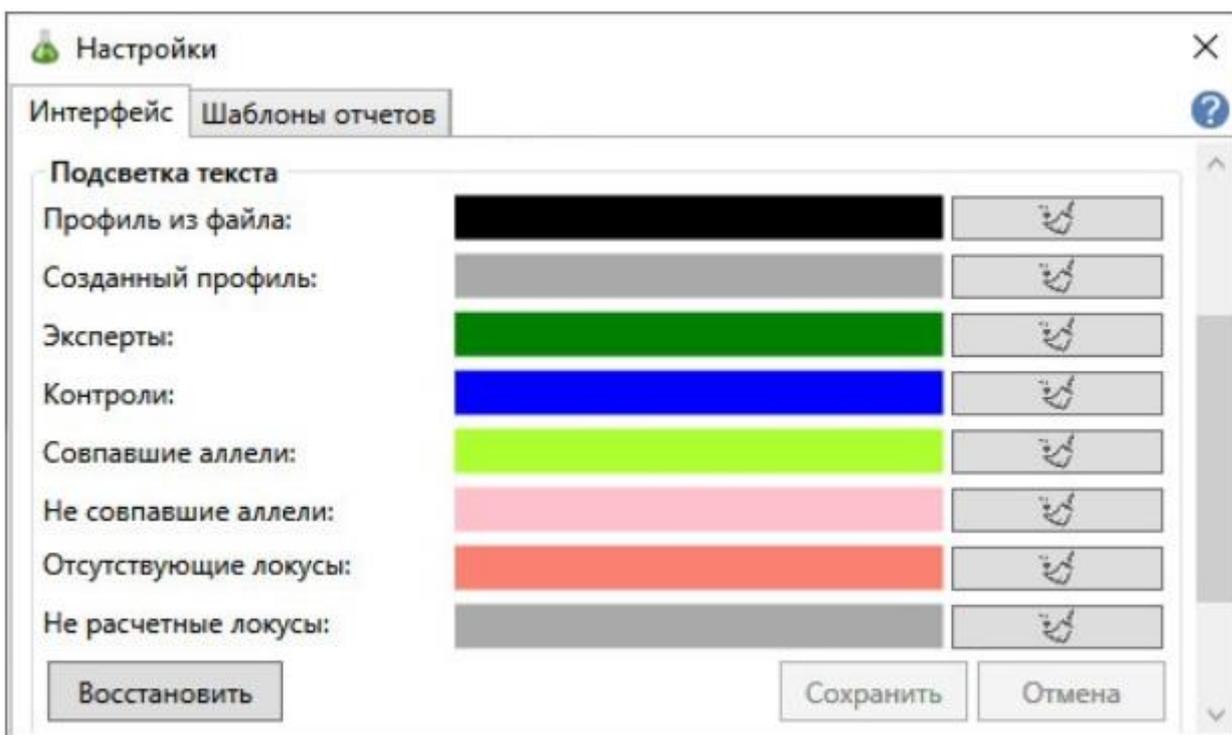
Когда пункт P_{\min} отмечен, в расчетах будет использоваться частота P_{\min} локуса, если частота используемой аллели меньше частоты P_{\min} .

Если отметка снята, то будет использоваться та частота аллели, которая указана в библиотеке локусов.

2. Отображение контролей, экспертов, профилей – включение или отключение функций: отображения, автоматического сравнения и использования в работе соответствующих категорий данных из встроенной базы данных «Контроль/Эксперт». **Подробнее в соответствующем разделе.**

3. Настройка вывода уведомляющих окон о подтверждении удаления профиля, локуса или аллели.

4. Подсветка текста: выбор цветовой маркировки (легенды) для отображаемых данных:

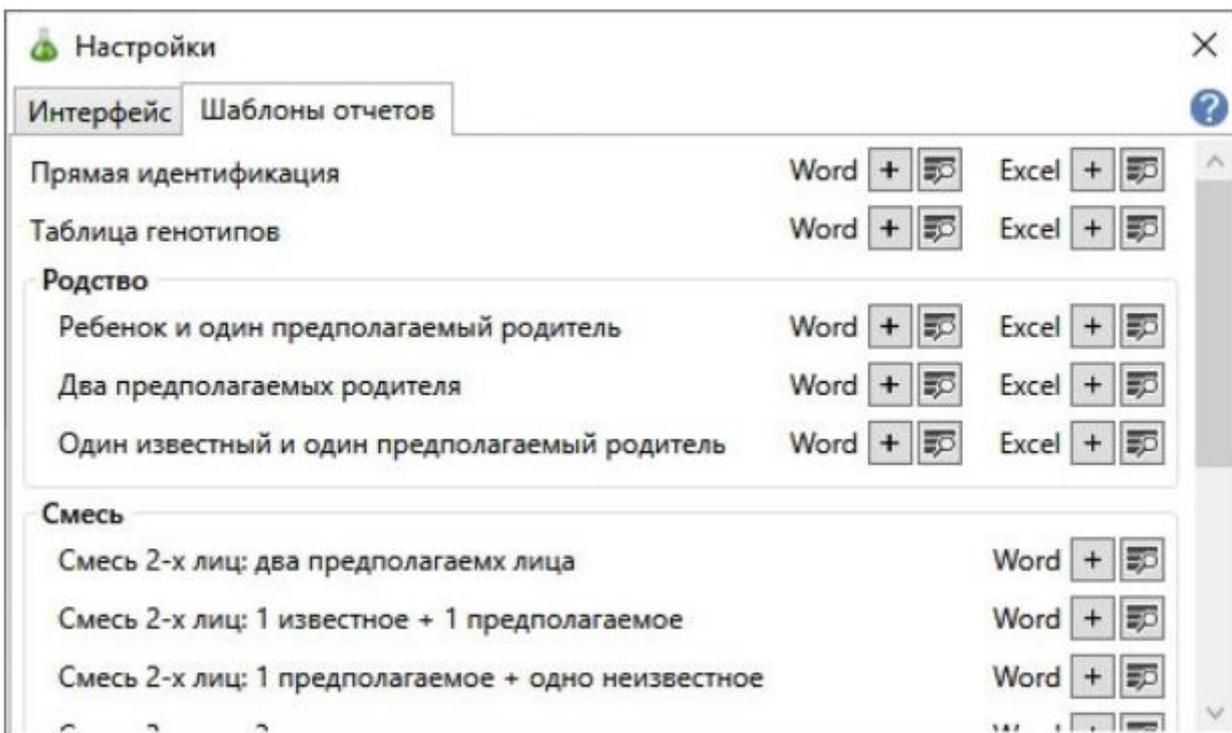


5. Настройка языка и отображения элементов интерфейса программы:



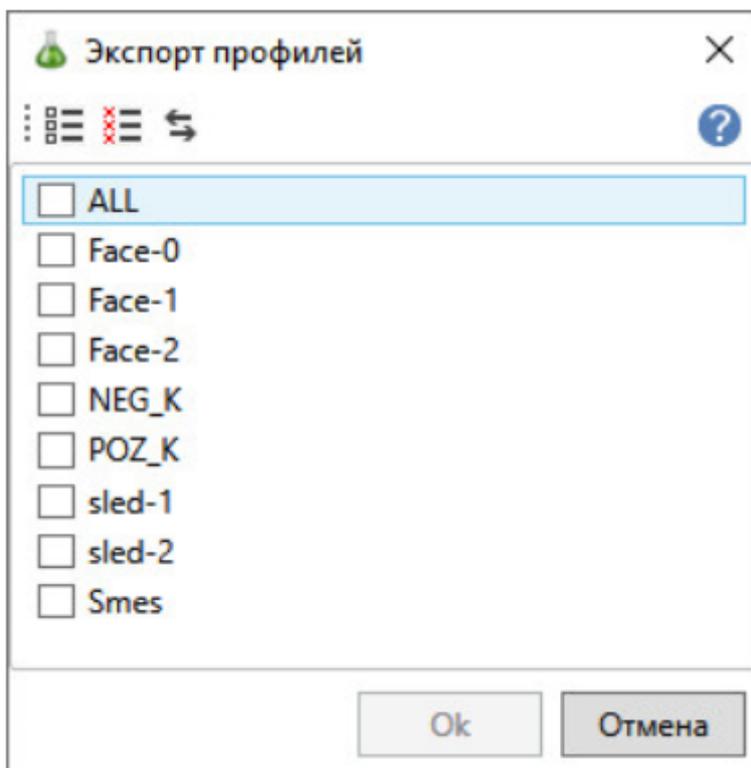
22. Шаблоны отчетов

Позволяет изменять содержимое шаблонов и формулировки выводимого текста для каждого из методов расчета, в соответствии с требованиями к оформлению заключения эксперта. Содержатся шаблоны федеральных информационных карт.



Экспорт в файл

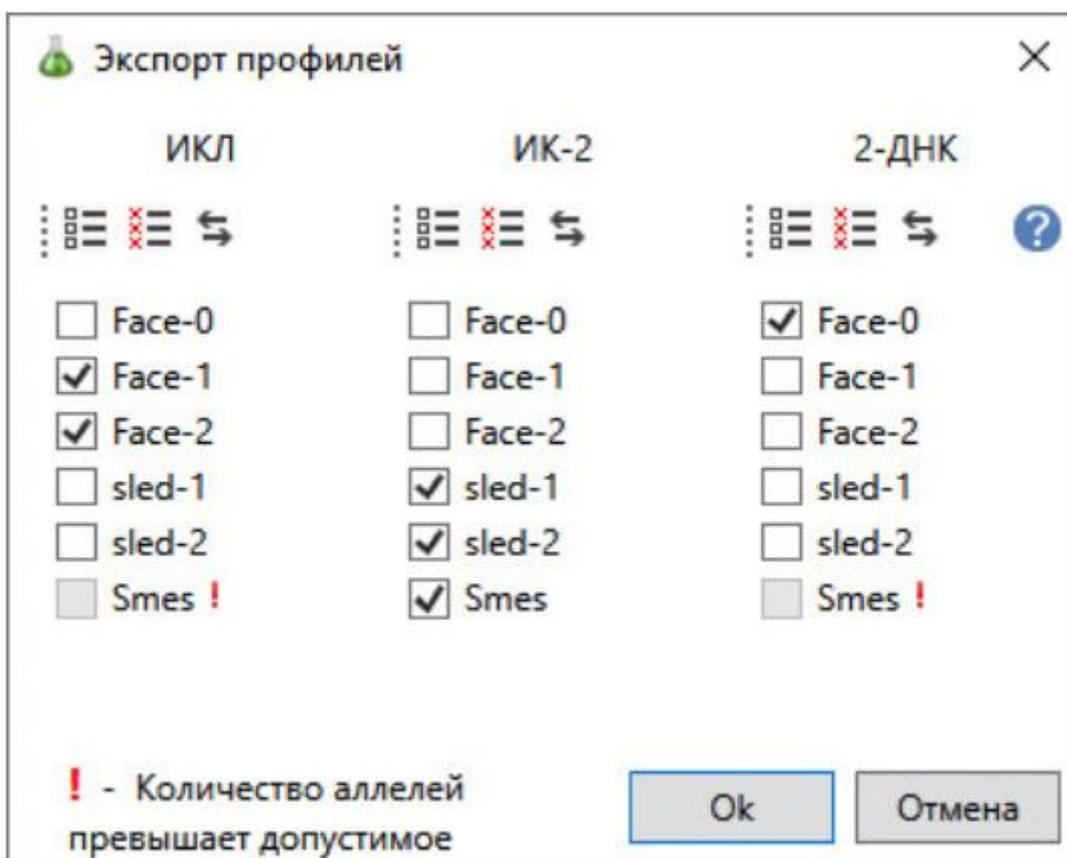
Позволяет экспортировать выбранные профили в файл с расширением «txt», совместимый с шаблонами федеральных информационных карт.



СПРАВКА (Хеликон) (27.09.2021)_img62

23. Создание информационных карт ИКЛ, ИК-2 и 2-ДНК

Позволяет создавать информационные карты в федеральном формате нужного типа (ИКЛ, ИК-2 и 2-ДНК) совместимых с ФБДГИ «Ксенон-2» из профилей, загруженных в программу. После нажатия кнопки «Создать ИК» откроется диалоговое окно:



Где можно выбрать тип федеральной карты для каждого из профиля. Программа поддерживает пакетную процедуру создания ИК – т.е. создание нескольких карт одновременно.

Маркер «!» красного цвета сигнализирует о превышении количества аллелей в одном или нескольких локусах в профиле:

Для карт ИКЛ и 2-ДНК – не более двух;

Для карт ИК-2 – не более 4 или 6. При наличии в локусах от 5 до 6 аллелей включительно маркер будет появляться, но созданию карт это препятствовать не будет. При наличии 7 и более аллелей в локусе создание информационной карты будет заблокировано.

После выбора профилей и типов карт нажмите кнопку «Ок» и выберите место сохранения информационных карт.

24. Сведения о правообладателе программного обеспечения

ООО «Компания Хеликон»

Адрес: 119619, Москва г, Новомещерский проезд, дом 9, строение 1, комната 11.

Сайт: <https://www.helicon.ru/>

Номер телефона для связи: + 7 499 272-52-07

E-mail: mail@helicon.ru