

**Biology Services
DNA INFORMATION SHEET****INTRODUCTION**

Deoxyribonucleic acid (**DNA**) is often referred to as a blueprint of life. It contains the genetic instructions used in the development and functioning of living organisms, including humans.

DNA is the same in every cell it is found in within the body and is packaged into structures known as chromosomes. Human cells have 23 pairs of chromosome, 22 pairs of autosomes and one pair of sex chromosomes (X, Y). Each biological parent contributes one chromosome from each pair.

Every human, with the exception of identical twins, has different DNA and these differences are the basis for forensic DNA analyses. Forensic DNA analysis is used to determine the **DNA profile** of the donor of a biological sample or to assess paternity/parentage.

A. TESTING METHODS

Forensic DNA analysis is a series of analytical processes designed to generate DNA profiles for comparison. It can be attempted on samples where a bodily substance has been identified or where a bodily substance is believed to be present. While screening tests are used to locate body fluid stains or biological tissues that may be suitable for DNA analysis, the localization of a stain may not always be necessary in order to perform DNA analysis.

DNA Extraction	Evidentiary samples are processed to separate the DNA from other cellular components. Samples can be extracted using the DNA IQ™ system or the phenol/chloroform procedure (both of which can be performed as either a direct or differential extraction).
DNA Quantification	The quantity of DNA is estimated to determine if there is sufficient DNA to proceed with the analysis. The quantification of DNA is conducted using the PowerQuant® System . The quantification system simultaneously quantifies the total amount of human and male DNA present in a sample.
DNA Profile Development	Specific target areas (short tandem repeats, or STRs) of the DNA molecule are replicated by PCR amplification to generate a DNA profile (using either a portion or all of the DNA extract). <ul style="list-style-type: none">• The AmpF!STR® Identifier® Plus PCR amplification kit types 15 autosomal STR locations plus the gender determining Amelogenin locus.• The Yfiler™ Plus PCR amplification kit types 27 STR on the Y chromosome (Y-STR) locations.

**Interpretation &
Comparison**

The final step of the process involves the interpretation and comparison of DNA profiles from questioned (evidentiary) samples to the DNA profiles from known (deceased/complainant/suspect) samples to determine associations between individuals, exhibits and scenes.

Traditional methods to interpretation (binary approach) are well suited for simple mixtures (i.e. two person mixtures). A newer approach to interpretation uses probabilistic genotyping methods which are capable of inferring components from more complex mixtures enabling interpretation of profiles that would otherwise be deemed 'no meaningful comparison' or 'too complex' under the binary approach. The probabilistic genotyping approach, using the STRmix™ software, will be implemented in phases and will not be applied to all reports generated at this time.

B. TESTING LIMITATIONS

Many factors affect the success rate of DNA typing, such as:

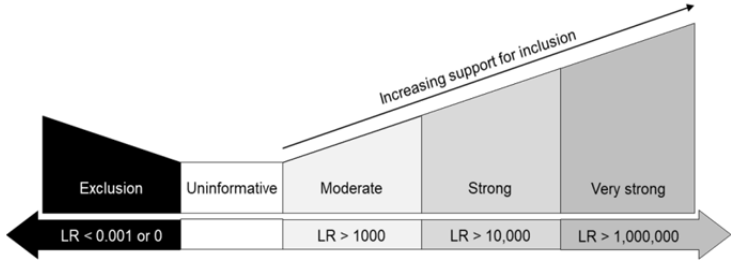
- The quality and quantity of DNA in forensic samples can vary significantly. A minimum amount of DNA is required for DNA profile development, below which no further analysis can be performed. Degraded biological samples (type, age and condition of storage) may yield little to no DNA, **partial profiles** or no profile at all. Additionally, inhibitory substances (e.g. certain types of fabric dyes) are sometimes co-extracted with DNA, leading to incomplete or absent profiles.
- A mixed DNA profile (DNA profile containing more than one individual's DNA) can complicate interpretation and limit the ability to unambiguously establish individual contributing profiles, decreasing the ability to include or exclude a particular individual as a potential contributor to the mixture, even when using the probabilistic genotyping software, STRmix™.
- While DNA results may provide strong support of association between individuals/exhibits/scenes, they do not provide any information as to how or when the DNA was deposited. Other test results (e.g. body fluid test results) in combination with DNA test results may provide sufficient information upon which a qualified opinion may be formulated.
- Due to the male-specific inheritance, the Y chromosome remains constant from generation to generation. Except for mutations, males from the same paternal lineage are expected to share the same Y-STR DNA profile. Y-STR typing may not separate relatives apart.
- Because the Y chromosome is inherited as a single unit, statistical analysis for Y-STR DNA profiles differs from the statistical analysis used for autosomal DNA testing. For Y-STR DNA profiles, statistics are calculated based on the frequency with which a particular Y-STR DNA profile has been observed in a population database (counting method). The strength of the evidence depends on the size of the databases. Y-STR DNA profiles have lower power of discrimination than autosomal STR profiles.
- Y-STR DNA profiles are currently ineligible for entry into the National DNA Databank of Canada.

FS&IS FORENSIC SCIENCE AND IDENTIFICATION SERVICES

C. GLOSSARY OF DNA TYPING TERMS

Allele	A number that represents the specific genetic information located at a genetic region (locus). Individuals typically have two alleles (one inherited from each parent) at each genetic region.
Amelogenin	A genetic region located on each of the sex chromosomes (X and Y) which is used in forensics to determine the gender of an individual (male/female). It should be noted that in rare instances, male individuals have been known to type as female origin. As such, caution should be employed when concluding that a female profile truly originated from a female individual.
AmpFℓSTR[®] Identifiler[®] Plus PCR Amplification Kit	Commercially available nuclear DNA typing kit used to copy specific regions of the DNA to generate a DNA profile. The AmpF ℓ STR [®] Identifiler [®] Plus PCR Amplification Kit types the following genetic regions of the DNA molecule: D8S1179, D21S11, D7S820, CSF1PO, D3S1358, TH01, D13S317, D16S539, D2S1338, D19S433, vWA, TPOX, D18S51, Amelogenin (gender determining locus), D5S818 and FGA.
Binary Approach	The traditional approach to DNA interpretation where there are only two outcomes (possible or not possible) for each decision (e.g. a peak is either “an allele” or “not an allele”; a DNA profile is “included” or “not included”).
Differential DNA Extraction	A process used for samples where spermatozoa may be present. It attempts to separate spermatozoa cells from any non-spermatozoa cells that may be present.
Direct DNA Extraction	DNA is separated from other cellular components and purified for further processing.
DNA	Deoxyribonucleic acid
DNA Profile	The genetic information (represented by a series of alleles or numbers) of an individual at the defined genetic regions (loci).
Exclusion	A conclusion that eliminates an individual as a possible contributor of DNA obtained from a biological sample.
Inclusion Probability	The proportion of a population that could have contributed to a mixed profile.
Locus (singular) / Loci (plural)	The specific physical location(s) of a gene on a chromosome. In forensic DNA analysis, this refers to the specific site(s) being tested (e.g. D3S1358, vWA or DYS570).

FS&IS FORENSIC SCIENCE AND IDENTIFICATION SERVICES

<p>Likelihood Ratio (LR)</p>	<p>A statistical method to weigh alternative explanations for the observed DNA profile.</p> <p>The <i>LR</i> evaluates the strength of a DNA result based on the calculation of the probability of observing the DNA profile under two different and mutually exclusive hypotheses.</p> <p>For example, Hypothesis 1 (H_1): the DNA evidence originated from the person of interest and Hypothesis 2 (H_2): the DNA evidence originated from an unknown, unrelated individual.</p> $LR = P E(H_1) / P E(H_2).$ <p>The <i>LR</i> can have a value between zero and infinity. The higher the <i>LR</i>, the more support there is for H_1.</p>
<p>Likelihood Ratio (LR) Verbal Scale</p>	<p>A verbal scale is used to describe the level of support for the scenarios explaining the observed DNA evidence. The scale has been modified from that recommended by the Scientific Working Group on DNA Analysis Methods (SWGDM), based on the RCMP internal validation:</p>  <p>Uninformative indicates the <i>LR</i> is neutral in its support for either scenario explaining the observed DNA evidence</p>
<p>Major Component</p>	<p>In a mixed DNA profile, the DNA profile that is present in a greater amount. This profile is unambiguous and can be compared to known reference samples.</p>
<p>Male / Female Component</p>	<p>In samples containing semen, it may be possible to separate the DNA contributions from the semen donor and the non-semen donor.</p>

FS&IS FORENSIC SCIENCE AND IDENTIFICATION SERVICES

Match	<p>DNA profiles that are indistinguishable at all genetic regions where a comparison can be performed.</p> <p>A questioned sample may match a known sample because the donor of the known sample deposited the crime scene sample or as a result of coincidence. The statistical significance addresses the probability of the coincidence (see Random Match Probability).</p>
Minor Component	<p>In a mixed DNA profile, the DNA profile that is present in a lesser amount, as compared to the major component. Depending on the quality and/or quantity, this profile may or may not be compared to known reference samples.</p>
Mixed DNA Profile	<p>A DNA profile in which two or more different individuals have contributed their DNA.</p>
No Meaningful Comparison (NMC)	<p>Term used to describe a DNA profile that <u>cannot</u> be compared to known samples, due to associated limitations (e.g. trace component, too many contributors, etc.).</p>
Nuclear DNA	<p>DNA found in the nucleus of a cell. DNA in the nucleus is amenable to STR testing.</p>
Partial DNA Profile	<p>A DNA profile in which results are incomplete at one or more of the defined genetic regions (loci)</p>
PCR	<p>Polymerase Chain Reaction. A process by which forensically significant regions on the DNA are copied. Used to quantify the amount of human DNA present in a sample (see PowerQuant[®] System DNA Quantification Kit) and/or to generate a DNA profile (see AmpF[®]STR[®] Identifiler[®] Plus PCR Amplification Kit and Yfiler[™] Plus PCR Amplification Kit).</p>
Possible Contributor	<p>Term used to describe an individual who could have contributed DNA to a DNA profile. Statistical weight can be applied (see Inclusion Probability).</p>
PowerQuant[®] System DNA Quantification Kit	<p>Commercially available nuclear DNA quantification kit used to determine the amount of human and male DNA present in a sample. The quantification of DNA is conducted using real time polymerase chain reaction (PCR) amplification.</p>
Probabilistic Genotyping	<p>The combined use of biological modeling, statistical theory, probability distributions and computer algorithms to infer genotypes from DNA profile results and to calculate likelihood ratios (<i>LR</i>).</p>

FS&IS FORENSIC SCIENCE AND IDENTIFICATION SERVICES

<p>Random Match Probability (RMP)</p>	<p>The probability that a randomly selected unrelated individual would coincidentally share the observed DNA profile. This is the statement of weight provided in the event of a match between profiles.</p>
<p>Relatedness Analyses</p>	<p>Calculations involving relatedness make use of a likelihood ratio. This method compares the probability of obtaining the DNA evidence under two alternative hypotheses. The first hypothesis is that the alleged biological relationship between the individual in question and putative relatives is true. The alternate hypothesis is that the individual in question is a random, unrelated person.</p>
<p>Single Source DNA Profile</p>	<p>A DNA profile arising from one person.</p>
<p>STR</p>	<p>Short Tandem Repeat. Repeating units of DNA arranged in succession in a particular region of a chromosome (locus).</p>
<p>STRmix™</p>	<p>A fully continuous probabilistic genotyping forensic software program that assists with the interpretation and deconvolution of DNA profiles. STRmix™ employs the same principles that have always been used for interpreting DNA profiles within Biology Services.</p> <p>STRmix™ is not considered an expert system since Reporting Scientists operate and control the software and apply their expertise in the critical evaluation of the STRmix™ results.</p> <p>STRmix™ can compare evidence samples to known reference samples to provide a statistical weight in the form of the Likelihood Ratio (<i>LR</i>) using a pair of propositions. The use of this software expands the number of mixed DNA profiles that can be considered suitable for comparison.</p>
<p>Trace Component</p>	<p>A very low-level component to a mixed DNA profile (in terms of overall DNA contribution). This profile <u>cannot</u> be compared to known reference samples.</p>
<p>Yfiler™ Plus PCR Amplification Kit</p>	<p>Commercially available nuclear DNA typing kit used to copy specific regions of the Y chromosome to generate a Y-STR DNA profile. The Yfiler™ Plus PCR amplification kit types the following Y-STR loci: DYS576, DYS389I, DYS635, DYS389II, DYS627, DYS460, DYS458, DYS19, YGATAH4, DYS448, DYS391, DYS456, DYS390, DYS438, DYS392, DYS518, DYS570, DYS437, DYS385 a/b, DYS449, DYS393, DYS439, DYS481, DYF387S1 a/b and DYS533. A Y-STR DNA profile is currently ineligible for entry into the National DNA Databank of Canada.</p>

**Service de biologie
FICHE D'INFORMATION SUR L'ADN**

INTRODUCTION

Véritable carte génétique, l'acide désoxyribonucléique (**ADN**) contient les instructions génétiques servant au développement et au fonctionnement de tous les organismes vivants, y compris les êtres humains.

L'ADN est identique dans chaque cellule où il se retrouve. Il est organisé en structures appelées chromosomes. Les cellules humaines comptent 23 paires de chromosomes, soit 22 paires d'autosomes et une paire de chromosomes sexuels (X et Y). Chaque parent biologique fournit un chromosome par paire.

Chaque être humain, à l'exception des jumeaux identiques, a un ADN différent, et ces différences constituent la base des analyses génétiques médico-légales. Les analyses génétiques médico-légales servent à établir le **profil d'identification génétique** d'un donneur d'échantillon biologique ou à évaluer la paternité ou le lien de parenté.

A. MÉTHODES D'ANALYSE

L'analyse génétique médico-légale comprend une série de processus d'analyse visant à produire des profils génétiques à des fins de comparaison. Elle peut être effectuée sur des échantillons qui contiennent ou qui possiblement contiennent une substance corporelle. Bien qu'on utilise des tests de dépistage pour trouver des taches de fluides corporels ou des tissus biologiques qui pourraient permettre une analyse génétique, il n'est pas toujours nécessaire de trouver une tache pour effectuer une analyse génétique.

Extraction d'ADN Les échantillons probants sont traités de façon à séparer l'ADN des autres composants cellulaires. Les échantillons peuvent être extraits à l'aide du système DNA IQ™ ou de la procédure d'extraction au phénol/chloroforme (l'**extraction** peut être soit **directe** soit **différentielle**).

Quantification de l'ADN La quantité d'ADN est estimée en vue de déterminer s'il y a suffisamment d'ADN pour procéder à l'analyse. La quantification de l'ADN s'effectue au moyen de la trousse **PowerQuant**®. Le système de quantification détermine simultanément la quantité totale d'ADN humain et masculin présent dans un échantillon.

Développement de profils d'identification génétique Les régions cibles précises (microsatellites ou séquences courtes répétées en tandem/**STR**) de la molécule d'ADN sont reproduites par amplification **PCR** en vue d'établir un profil d'identification génétique (à l'aide soit d'une partie soit de tout l'ADN extrait).

- La trousse d'amplification PCR **AmpFISTR® Identifier® Plus** analyse 15 loci STR autosomaux en plus du locus **Amélogénine**.
- La trousse d'amplification PCR **Yfiler™ Plus** analyse 27 loci STR du chromosome Y (STR Y).

Interprétation et comparaison La dernière étape du processus comprend l'interprétation et la comparaison des profils génétiques des échantillons d'origine inconnue (probants) aux profils génétiques de référence (défunt, plaignant ou suspect) en vue de déterminer les associations entre les personnes, les pièces à conviction et les lieux.

Les méthodes traditionnelles d'interprétation (approche binaire) conviennent pour les profils génétiques mixtes simples (c'est-à-dire mélange de deux personnes). Une nouvelle approche pour l'interprétation utilise la méthode de génotypage probabiliste qui est capable d'inférer des composantes de mélanges plus complexes, permettant l'interprétation de profils qui autrement auraient été déclarés 'aucune comparaison significative' ou 'trop complexe' par l'approche binaire. L'approche de génotypage probabiliste, en utilisant le logiciel STRmix™, sera implantée en phases et ne sera pas utilisée pour tous les rapports générés pour l'instant.

B. RESTRICTIONS

De nombreux facteurs ont une incidence sur le taux de réussite du typage génétique, notamment :

- La qualité et la quantité d'ADN présent dans les échantillons prélevés à des fins médico-légales varient beaucoup. Une quantité minimale d'ADN est requise pour établir un profil génétique; sinon aucune autre analyse ne pourra être effectuée. Des échantillons biologiques détériorés (type, âge et conditions d'entreposage) pourraient fournir peu ou pas d'ADN, des **profils partiels** ou aucun profil du tout. En outre, des substances inhibitrices (p. ex. certains types de teintures de tissu) sont parfois extraites en même temps que l'ADN, ce qui mène à des profils incomplets ou à une absence de profils.
- Un **profil génétique mixte** (qui contient l'ADN de plus d'une personne) peut compliquer l'interprétation et nuire à la capacité d'établir sans ambiguïté les profils des contributeurs, et donc peut réduire la capacité d'inclure ou d'exclure une personne donnée à titre de contributeur possible, même en utilisant le logiciel de génotypage probabiliste STRmix™.
- Bien que les résultats d'une analyse génétique puissent suggérer des associations fortes entre les personnes, les pièces à conviction et les lieux, ils ne fournissent aucune information quant à la façon dont l'ADN a été déposé ni à quel moment. Les résultats d'autres tests (p. ex., les résultats des analyses de liquides organiques) combinés aux résultats des analyses génétiques pourraient fournir suffisamment d'information pour permettre de formuler une opinion avec réserve.
- Comme le chromosome Y se transmet de père en fils, il reste constant d'une génération à l'autre. À moins de mutations, les hommes d'une même lignée paternelle auront le même profil d'ADN STR Y. Le typage des STR Y pourrait ne pas permettre de distinguer des personnes qui ont un lien de parenté.
- Comme le chromosome Y est transmis comme une unité, les analyses statistiques pour les profils d'ADN STR Y diffèrent de l'analyse statistique utilisée pour les tests d'ADN autosomal. Pour les profils d'ADN STR Y, les statistiques sont calculées en fonction de la fréquence avec laquelle un profil d'ADN STR Y donné est observé dans une base de données de population (méthode de comptage). Le poids de la preuve dépend de la taille de la base de données. Les profils d'ADN STR Y ont un pouvoir de discrimination plus faible que les profils STR autosomaux.
- À l'heure actuelle, les profils d'ADN STR Y ne peuvent pas être versés dans la Banque nationale de données génétiques du Canada.

SSJ&I Services des sciences judiciaires et de l'identité

C. TERMINOLOGIE DU TYPAGE GÉNÉTIQUE

ADN	Acide désoxyribonucléique
ADN nucléaire	ADN provenant du noyau d'une cellule. L'ADN dans le noyau se prête aux analyses STR.
Allèle	Chiffre qui représente les données génétiques précises situées dans une région génétique (locus). Chaque personne compte habituellement deux allèles (un allèle hérité de chaque parent) pour chaque région génétique.
Amélogénine	Région génétique située sur chacun des chromosomes sexuels (X et Y) qui est utilisée en sciences médico-légales pour déterminer le sexe d'une personne (masculin ou féminin). Il convient de noter que, dans des cas rares, il est arrivé que l'ADN d'un homme ait semblé provenir d'une femme. Par conséquent, il faut faire preuve de vigilance au moment de conclure qu'un profil féminin provient réellement d'une femme.
Approche binaire	Approche traditionnelle d'interprétation de l'ADN où il n'y a que deux résultats (possible ou non possible) pour chaque décision (par exemple un pic est soit "un allèle" soit "pas un allèle" ; un profil génétique est 'inclus' ou 'non inclus').
Aucune comparaison significative	Terme utilisé pour décrire un profil génétique qui, en raison des restrictions qui lui sont associées (contributeur négligeable, contributeurs trop nombreux, etc.), <u>ne peut pas</u> être comparé à des échantillons de référence.
Composante mâle / composante femelle	Dans des échantillons contenant du sperme, il peut être possible de séparer les contributions d'ADN du donneur de sperme de celles du donneur d'autres cellules.
Composante majeure	Dans un profil mixte, profil génétique qui est présent en plus grande quantité. Ce profil est non ambigu et peut être comparé à des échantillons de référence.
Composante mineure	Dans un profil mixte, profil génétique qui est présent en quantité moindre que la composante majeure. Selon la qualité ou la quantité, ce profil pourrait être ou non comparé à des échantillons de référence.
Composante négligeable	Composante de faible niveau à un profil mixte (relativement à l'apport génétique global). Ce profil <u>ne peut pas</u> être comparé à des échantillons de référence.

SSJ&I Services des sciences judiciaires et de l'identité

Concordance	<p>Profils génétiques qui, lorsqu'ils sont comparés, sont indiscernables dans toutes les régions génétiques permettant d'établir une comparaison.</p> <p>Un échantillon d'origine inconnue peut concorder avec un échantillon de référence, soit parce que le donneur de l'échantillon de référence a laissé l'échantillon sur le lieu du crime, soit par pure coïncidence. La signification statistique tient compte de la probabilité de la coïncidence (cf. Probabilité de concordance aléatoire).</p>
Contributeur possible	<p>Terme utilisé pour désigner une personne qui pourrait avoir contribué à un profil génétique. Une valeur statistique peut être appliquée (cf. Probabilité d'inclusion).</p>
Exclusion	<p>Conclusion signifiant qu'un individu est exclu comme étant un contributeur possible à un profil génétique obtenu d'un échantillon biologique.</p>
Extraction différentielle d'ADN	<p>Processus utilisé pour les échantillons pouvant contenir des spermatozoïdes. Il vise à séparer les cellules spermatozoïdes des cellules non spermatozoïdes.</p>
Extraction directe d'ADN	<p>L'ADN est séparé des autres composants cellulaires et purifié aux fins de traitement ultérieur.</p>
Génotypage probabiliste	<p>Utilisation combinée d'un modèle biologique, de théorie statistique, de distributions probabilistes et d'algorithmes informatiques pour inférer des génotypes possibles à partir de résultats génétiques et pour calculer des rapports de vraisemblance (<i>likelihood ratio</i> ou LR).</p>
Locus (singulier) / loci (pluriel)	<p>Emplacement physique précis d'un gène sur un chromosome. Dans le cadre des analyses génétiques médico-légales, il s'agit des emplacements précis analysés (p. ex., D3S1358, vWA ou DYS570).</p>
PCR	<p>Réaction de polymérisation en chaîne (Polymerase Chain Reaction). Processus par lequel les régions de l'ADN qui sont importantes du point de vue médico-légal sont copiées. Sert à quantifier l'ADN humain présent dans un échantillon (cf. Trousse de quantification d'ADN PowerQuant[®]) ou à établir un profil d'identification génétique (cf. Trousse d'amplification PCR AmpF[®]/STR[®] Identifier[®] Plus et Trousse d'amplification PCR Yfiler[™] Plus).</p>
Probabilité de concordance aléatoire	<p>Probabilité qu'une personne sans lien de parenté choisie au hasard ait, par pure coïncidence, le même profil génétique que celui observé. Il s'agit d'une attestation du poids fournie dans le cas d'une concordance de profils.</p>
Probabilité d'inclusion	<p>Proportion d'une population qui pourrait avoir contribué à un profil mixte.</p>

SSJ&I Services des sciences judiciaires et de l'identité

<p>Profil d'identification génétique / profil génétique</p>	<p>Données génétiques (représentées par une série d'allèles ou chiffres) d'une personne dans les régions génétiques définies (loci).</p>
<p>Profil génétique de source unique</p>	<p>Profil génétique provenant d'une seule personne.</p>
<p>Profil génétique mixte</p>	<p>Profil génétique contenant l'ADN de deux ou plusieurs personnes.</p>
<p>Profil génétique partiel</p>	<p>Profil génétique dont les résultats sont incomplets dans une ou plusieurs des régions génétiques définies (loci).</p>
<p>Rapport de vraisemblance (likelihood ratio ou LR)</p>	<p>Une méthode statistique qui évalue la probabilité d'observer un profil d'ADN selon des hypothèses différentes.</p> <p>La méthode LR évalue le poids du résultat d'ADN basé sur le calcul de probabilité d'observer un profil d'ADN (P) selon deux hypothèses différentes et mutuellement exclusives.</p> <p>Par exemple : Hypothèse 1 (H1), le profil d'ADN obtenu provient de la personne d'intérêt. Hypothèse 2 (H2), le profil d'ADN obtenu provient d'un individu inconnu non apparenté : $LR = P(H1)/P(H2)$.</p> <p>Le LR peut avoir une valeur entre zéro et l'infini. Plus la valeur du LR est élevée, plus il est probable que la première hypothèse soit vraie.</p>
<p>Rapport de vraisemblance (likelihood ratio ou LR) échelle verbale</p>	<p>Une échelle verbale est utilisée pour décrire le niveau de support aux scénarios qui explique les résultats d'ADN obtenus. L'échelle a été modifiée à partir des recommandations du <i>SWGAM (Scientific Working Group on DNA Analysis Methods)</i>, et est basée sur la validation interne de STRmix par la GRC :</p> <div data-bbox="618 1367 1404 1623" data-label="Figure"> <p>The diagram shows a horizontal axis with five categories from left to right: Exclusion, Non informatif Uninformative, Modéré Moderate, Fort Strong, and Très fort Very strong. Below the axis, LR values are indicated: LR < 0.001 or 0, LR > 1000, LR > 10,000, and LR > 1,000,000. An arrow above the axis points to the right, labeled 'Support accru à l'inclusion' and 'Increasing support for inclusion'.</p> </div> <p>Non informatif indique que le LR est neutre dans son support pour chacun des scénarios qui expliquent les résultats d'ADN observés</p>
<p>STR / microsatellite</p>	<p>Séquence courte répétée en tandem (<i>Short Tandem Repeat</i>). Unités récurrentes d'ADN disposées les unes derrière les autres dans une région précise d'un chromosome (locus).</p>

SSJ&I Services des sciences judiciaires et de l'identité

<p>STRmix™</p>	<p>Logiciel médico-légal de génotypage probabiliste continu qui supporte l'interprétation et la déconvolution des profils génétiques. STRmix™ se base sur les mêmes principes utilisés depuis toujours par les Services de biologie pour interpréter les profils génétiques.</p> <p>STRmix™ n'est pas considéré comme un système expert puisque le spécialiste judiciaire opère et contrôle le logiciel et utilise son expertise dans l'évaluation critique des résultats de STRmix™.</p> <p>STRmix™ peut comparer les profils génétiques obtenus des pièces à conviction à ceux obtenus des échantillons de référence et calculer un poids statistique sous la forme d'un rapport de vraisemblance (<i>likelihood ratio</i> ou LR) en étudiant une paire d'hypothèses. L'utilisation de ce logiciel permet d'élargir le bassin de profils génétiques mixtes qui peuvent être considérés appropriés aux fins de comparaison.</p>
<p>Test de filiation (parenté)</p>	<p>Les calculs mettant en cause la parenté reposent sur un rapport de vraisemblance. Cette méthode compare la probabilité d'obtenir une preuve par l'ADN en étudiant deux hypothèses différentes. La première hypothèse est que la relation biologique présumée entre la personne en question et les parents putatifs est réelle, tandis que la deuxième hypothèse est que cette personne est choisie au hasard et est non apparentée.</p>
<p>Trousse d'amplification PCR AmpF/STR® Identifiler® Plus</p>	<p>Trousse de typage d'ADN nucléaire disponible sur le marché utilisée pour copier des régions précises de l'ADN afin d'établir un profil d'identification génétique. La trousse d'amplification PCR AmpF/STR® Identifiler® Plus analyse les régions génétiques suivantes de la molécule d'ADN : D8S1179, D21S11, D7S820, CSF1PO, D3S1358, TH01, D13S317, D16S539, D2S1338, D19S433, vWA, TPOX, D18S51, amélogénine (locus déterminant le sexe), D5S818 et FGA.</p>
<p>Trousse d'amplification PCR Yfiler® Plus</p>	<p>Trousse de typage d'ADN nucléaire disponible sur le marché utilisée pour copier des régions précises du chromosome Y afin d'établir un profil d'ADN STR Y. La Trousse d'amplification PCR Yfiler® Plus analyse les loci STR Y suivants : DYS576, DYS389I, DYS635, DYS389II, DYS627, DYS460, DYS458, DYS19, YGATAH4, DYS448, DYS391, DYS456, DYS390, DYS438, DYS392, DYS518, DYS570, DYS437, DYS385 a/b, DYS449, DYS393, DYS439, DYS481, DYF387S1a/b et DYS533. À l'heure actuelle, les profils d'ADN STR Y ne peuvent pas être versés dans la Banque nationale de données génétiques du Canada.</p>

SSJ&I

**Services des sciences
judiciaires et de l'identité**

**Trousse de quantification
d'ADN PowerQuant®**

Trousse de quantification de l'ADN nucléaire disponible sur le marché servant à déterminer la quantité d'ADN humain et masculin présent dans un échantillon. La quantification de l'ADN s'effectue par amplification en temps réel de réaction de polymérisation en chaîne (PCR).