

Statistiques ∞ Forensiques

# Le paquet forensic

Anne B. Dufour & Jean R. Lobry



21 août 2008

Cette fiche explore le paquet  forensic en faisant tourner les exemples des fonctions.

## Table des matières

<b>1</b>	<b>Introduction</b>	<b>1</b>
1.1	Objectif déclaré . . . . .	2
1.2	Dépendances . . . . .	2
1.3	Code source . . . . .	2
<b>2</b>	<b>Examen des fonctions disponibles</b>	<b>3</b>
2.1	Liste des fonctions disponibles . . . . .	3
2.2	La fonction <code>LR.ind()</code> . . . . .	3
2.3	La fonction <code>Pevind.ind()</code> . . . . .	5
2.4	La fonction <code>Pevind.gen()</code> . . . . .	6
2.5	La fonction <code>Pevind.rel()</code> . . . . .	7
2.6	La fonction <code>Pmatch()</code> . . . . .	9

## 1 Introduction


Le paquet  forensic version 0.2 a été déposé sur le site du CRAN le 10 juin 2007 par Miriam Marušiaková (Centre of Biomedical Informatics, Institute of Computer Science, Academy of Sciences of the Czech Republic). C'est donc un paquet relativement récent. Il a fait l'objet d'une présentation à Use! 2008 et les diapositives sont disponibles à <http://www.statistik.uni-dortmund.de/useR-2008/slides/Marusiakova.pdf>.

Miriam Marušiaková est actuellement doctorante à Prague encadrée par Marie Huskova (date de soutenance prévue pour l'automne 2009) mais sur un autre sujet (les points de transition dans les modèles de régression). Elle a travaillé sur le paquet `forensic` lorsqu'elle était en stage au CBI. Elle ne sait pas encore si elle fera un post-doc à Uppsala où elle a déjà étudié pendant un an ou bien restera à Prague. Dans le cas où elle resterait à Prague elle aimerait continuer à travailler sur le paquet `forensic` au CBI.

## 1.1 Objectif déclaré

Le titre du paquet est *Statistical Methods in Forensic Genetics*, méthodes statistiques en génétique forensique. Sa description est *The statistical evaluation of DNA mixtures, DNA profile match probability*, soit l'évaluation statistique des mélanges d'ADN et la vraisemblance de l'identité de profils génétiques. C'est donc un paquet orienté vers l'analyse des profils ADN, et plus particulièrement vers celui des mélanges.

## 1.2 Dépendances

Le paquet `forensic` version 0.2 nécessite une version de  au moins égale à 2.4.0. Il déclare dépendre de deux paquets qui ont aussi des dépendance. L'arbre des dépendances est le suivant :

- ★ `genetics` 1.1.3 (2008-04-29) Statut OK.
  - `combinat` 0.0-6 (2005-08-04) Présence de WARN.
  - `gdata` 2.4.2 (2008-05-12) Présence de NOTE
  - `gtools` 2.4.2 (2008-05-12) Présence de NOTE
  - `gtools` 2.4.2 (2008-05-12) Présence de NOTE
  - `MASS` 7.2-42 (2008-05-05) Core. Présence de NOTE
  - `mvtnorm` 0.9-2 (2008-07-08) Statut OK.
- ★ `combinat` 0.0-6 (2005-08-04) Présence de WARN.


Si on simplifie l'arbre des dépendances en enlevant les doublons, le paquet `forensic` dépend finalement des paquets suivants :

- ★ `genetics` 1.1.3 (2008-04-29) Statut OK.
  - `combinat` 0.0-6 (2005-08-04) Présence de WARN.
  - `gdata` 2.4.2 (2008-05-12) Présence de NOTE
  - `gtools` 2.4.2 (2008-05-12) Présence de NOTE
  - `MASS` 7.2-42 (2008-05-05) Core. Présence de NOTE
  - `mvtnorm` 0.9-2 (2008-07-08) Statut OK.



On note deux faiblesses qui risquent de compromettre la stabilité du paquet : le paquet `combinat` qui n'a pas été mis à jour depuis 3 ans alors qu'il présente des warnings à la compilation, le paquet `genetics` lui-même qui est déclaré obsolète par ses auteurs.

NOTE: THIS PACKAGE IS NOW OBSOLETE.

```
The R-Genetics project has developed an set of enhanced genetics
packages to replace 'genetics'. Please visit the project homepage
at http://rgenetics.org for informtion.
```

Il semble que le paquet  `genetics` ait basculé du côté Bioconductor, ce risque de ne pas faciliter les choses. Il semble pourtant être encore maintenu activement par Gregory Warnes.

## 1.3 Code source

Le code source est disponible en licence GPL. L'examen du paquet montre c'est du pur code , pas de code en C ou autre langage compilé. Il y a en tout 490 lignes de code  et 565 lignes de documentation.

## 2 Examen des fonctions disponibles

### 2.1 Liste des fonctions disponibles

```
library(forensic)
ls("package:forensic")
[1] "LR.ind"      "Pevid.gen" "Pevid.ind" "Pevid.rel" "Pmatch"
```

### 2.2 La fonction LR.ind()

Cette fonction calcule le rapport de vraisemblance pour un mélange ADN en comparant deux hypothèses quant à l'origine du mélange sur la scène de crime. Les contributeurs au mélange peuvent être d'un ou plusieurs groupes ethniques. On suppose qu'il y a indépendance entre les allèles entre et à l'intérieur des groupes.

L'exemple de la fonction reprend le cas Simpson [7] utilisé par Fung et Hu en 2001 [4] pour illustrer l'utilisation de leur formules.

Sur la scène de crime on a un mélange de profil (a, b, c)<sup>1</sup> pour le locus D2S44. On note m le profil de ce mélange :

```
m <- c("a", "b", "c")
```

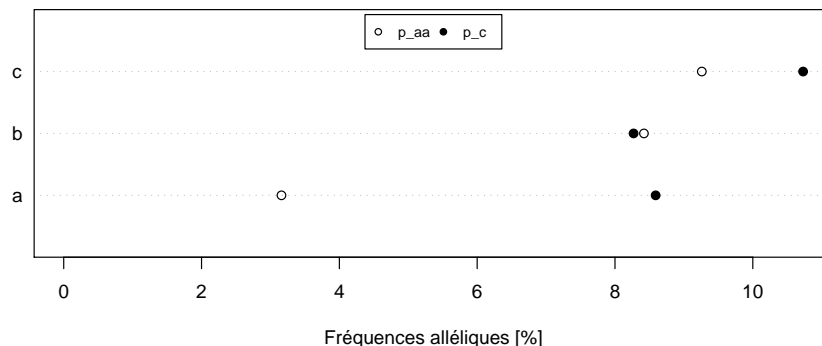
Le suspect est de profil (a, b), la victime de profil de (a, c). Les fréquences alléliques pour ce locus dans les populations afro-américaines et caucassiennes sont notées p\_aa et p\_c :

```
p_aa <- c(0.0316, 0.0842, 0.0926)
p_c <- c(0.0859, 0.0827, 0.1073)
```

Représentons graphiquement ces fréquences alléliques pour nous faire une idée :

```
dotchart(100 * p_aa, labels = m, xlim = 100 * c(0, max(p_aa, p_c)),
         xlab = "Fréquences alléliques [%]", main = "Comparaison des fréquences alléliques entre les deux populations",
         points(100 * p_c, 1:3, pch = 19)
         legend("top", inset = 0.02, legend = c("p_aa", "p_c"), pch = c(1, 19), horiz = TRUE, cex = 0.75))
```

Comparaison des fréquences alléliques entre les deux populations



<sup>1</sup>noté A<sub>1</sub>A<sub>2</sub>A<sub>3</sub> dans [4]

C'est donc surtout l'allèle a qui présente une forte différence de fréquence entre les deux populations.

Dans la suite de l'exemple on suppose qu'il n'y a que deux contributeurs au mélange (mais la fonction `LR.ind()` permet de gérer des cas avec plus de contributeurs). Les deux hypothèses envisagées sont celles de l'accusation,  $H_a$ , et de la défense  $H_d$  :

$H_a$  Les contributeurs sont la victime et le suspect.

$H_d$  Les contributeurs sont deux inconnus.

Les 6 arguments de la fonction `LR.ind()` sont :

`alleles` les allèles trouvés au locus considéré pour le mélange

`prob` les fréquences alléliques dans les populations

`x1` le nombre de contributeurs inconnus de chaque population selon l'accusation

`x2` le nombre de contributeurs inconnus de chaque population selon la défense

`u1` les allèles du mélange qui ne sont pas portés par des contributeurs connus selon l'accusation. Si `u1` n'est pas précisé les allèles du mélange sont portés par les contributeurs connus.

`u2` les allèles du mélange qui ne sont pas portés par des contributeurs connus selon la défense.

L'exemple de la fonction envisage trois cas. Le premier cas est celui où les deux inconnus sont de la population aa, les écritures suivantes sont équivalentes :

```
LR.ind(alleles = m, prob = cbind(p_aa, p_c), x1 = c(0, 0), x2 = c(2,
0), u2 = m)
[1] 1622.971
LR.ind(alleles = m, prob = p_aa, x1 = 0, x2 = 2, u2 = m)
[1] 1622.971
```

Le deuxième cas est celui où un inconnu est de la population aa et l'autre de la population c, ici on n'a qu'une seule écriture possible :

```
LR.ind(alleles = m, prob = cbind(p_aa, p_c), x1 = c(0, 0), x2 = c(1,
1), u2 = m)
[1] 727.186
```

Le troisième cas est celui où les deux inconnus sont de la population c, deux écritures sont possibles :

```
LR.ind(alleles = m, prob = cbind(p_aa, p_c), x1 = c(0, 0), x2 = c(0,
2), u2 = m)
[1] 396.2494
LR.ind(alleles = m, prob = p_c, x1 = 0, x2 = 2, u2 = m)
[1] 396.2494
```

On retrouve bien ici les résultats de [4] (cf. Figure 1).

**Table 5** Likelihood ratios with two unknowns belonging to ethnic groups of African-American(AA) and Caucasian (C)

2AAs	(1AA, 1C)	2Cs
1623	727	396

FIG. 1 – Copie d'écran des résultats publiés dans [4].

### 2.3 La fonction `Pevind.ind()`

Les formules utilisées sont celles de Fukshansky & Bär (1998) [2] et Fung & Hu (2001) [4]. L'exemple de la fonction commence par reprendre le cas Simpson déjà évoqué pour la fonction `LR.ind()`.

```
m <- c("a", "b", "c")
p_aa <- c(0.0316, 0.0842, 0.0926)
p_c <- c(0.0859, 0.0827, 0.1073)
```

Elle envisage ensuite les trois mêmes sous-cas, avec deux écritures quand c'est possible :

```
## two unknown contributors were African-American
1/Pevind.ind(alleles = m, prob = cbind(p_aa, p_c), x = c(2, 0), u = m)
[1] 1622.971
1/Pevind.ind(alleles = m, prob = p_aa, x = 2, u = m)
[1] 1622.971
## one unknown contributor was African-American and one was Caucasian
1/Pevind.ind(alleles = m, prob = cbind(p_aa, p_c), x = c(1, 1), u = m)
[1] 727.186
## two unknown contributors were Caucasian
1/Pevind.ind(alleles = m, prob = cbind(p_aa, p_c), x = c(0, 2), u = m)
[1] 396.2494
1/Pevind.ind(alleles = m, prob = p_c, x = 2, u = m)
[1] 396.2494
```

On a ensuite un cas de viol à Hong Kong utilisé dans [3, 5].

```
## Rape case in Hong Kong (Fung and Hu (2000), Fung and Hu (2002))
## the mixed stain at D3S1358
m <- c(14, 15, 17, 18)
## suspect's genotype (14, 17)
## If the mixed stain did not originate from the victim,
## we may consider the propositions:
## Prosecution: The contributors were the suspect and an unknown
## Defence: The contributors were two unknowns
## Arrested suspect was a Caucasian
## Possible ethnic groups of the unknowns:
## Caucasian, Chinese
p_ca <- c(0.187, 0.213, 0.223, 0.127)
p_ch <- c(0.033, 0.331, 0.239, 0.056)
## the both unknowns are Caucasian
Pevind.ind(alleles = m, prob = p_ca, x = 1, u = c(15, 18))/
Pevind.ind(alleles = m, prob = p_ca, x = 2, u = m)
[1] 1.998353
## first unknown is Caucasian, the second one Chinese
Pevind.ind(alleles = m, prob = p_ca, x = 1, u = c(15, 18))/
Pevind.ind(alleles = m, prob = cbind(p_ca, p_ch), x = c(1, 1), u = m)
[1] 3.563743
## first unknown is Chinese, the second one Caucasian
Pevind.ind(alleles = m, prob = p_ch, x = 1, u = c(15, 18))/
Pevind.ind(alleles = m, prob = cbind(p_ca, p_ch), x = c(1, 1), u = m)
```

**Table 7** Likelihood ratios with different ethnic groups of two unknowns for proposition sets ( $P_1$  contributors were the suspect and an unknown, versus, contributors were two unknowns; and  $P_2$  contributors were two suspects, versus, contributors were two unknowns)

Ethnicity			
$X_1$	$X_2$	$P_1$	$P_2$
CA	CA	1.95	36.6
CH	CH	12.3	341
PH	PH	13.0	285
CA	CH	3.10	62.9
CH	CA	2.39	62.9
CA	PH	2.72	56.0
PH	CA	2.66	56.0
CH	PH	9.43	262
PH	CH	12.0	262

FIG. 2 – Copie d'écran des résultats publiés dans [5].

```
[1] 2.441963
## the both unknowns are Chinese
Pevind.ind(alleles = m, prob = p_ch, x = 1, u = c(15, 18))/
Pevind.ind(alleles = m, prob = p_ch, x = 2, u = m)
[1] 10.56591
```

Il y a ici des petites différences numériques<sup>2</sup> par rapport à l'article (*cf.* figure 2).

On suppose ensuite que le second suspect a été arrêté :

```
## Suppose the second suspect (Caucasian, (15, 18)) was arrested
## Prosecution: The contributors were the two suspects
## Defence: The contributors were two unknowns
## the both unknowns are Caucasian
1/Pevind.ind(alleles = m, prob = p_ca, x = 2, u = m)
[1] 36.93677
## first unknown is Caucasian, the second one Chinese
1/Pevind.ind(alleles = m, prob = cbind(p_ca, p_ch), x = c(1, 1), u = m)
[1] 65.87082
## first unknown is Chinese, the second one Caucasian
1/Pevind.ind(alleles = m, prob = cbind(p_ca, p_ch), x = c(1, 1), u = m)
[1] 65.87082
## the both unknowns are Chinese
1/Pevind.ind(alleles = m, prob = p_ch, x = 2, u = m)
[1] 285.0105
```

Ici encore on ne retrouve pas exactement les résultats de l'article (*cf.* figure 2).

## 2.4 La fonction `Pevind.gen()`

Si  $\theta = 0$ , la fonction donne le même résultat que `Pevind.ind()`. Se base sur les travaux de Zoubkova and Zvarova (2004), thèse de master, Charles University, Prague. L'exemple donné est un cas viol, mais sans source biblio pour comparer les résultats :

<sup>2</sup>D'après Miriam Marušiaková la différence vient de ce que dans [5] les auteurs font les calculs avec une population structurée ( $\theta = 0.03$ ) alors que la fonction `Pevind.ind()` ne peut que traiter le cas  $\theta = 0$ . Les formules de [5] ne sont pas implémentées dans le paquet `forensic` mais Miriam Marušiaková aimerait pouvoir les ajouter à l'avenir.

```

## Rape case
## The evidence profile:
m <- c(13, 14, 15)
## the victim's genotype:
victim <- "13/14"
## the suspect's genotype
suspect <- "15/15"
## frequencies of alleles {13, 14, 15}:
p <- c(0.042, 0.166, 0.106)
## consensual partner of the victim
partner <- "15/16"
## Prosecution proposition:
## Contributors were the victim and the suspect.
Pevd.gen( alleles = m, prob = p, T = c(victim, suspect),
          V = partner, x = 0, theta = 0.03)
[1] 1
## Defence proposition:
## Contributors were the victim and one unknown person.
##
## Likelihood ratio for DNA evidence:
## structured population
1/Pevd.gen( alleles = m, prob = p, T = victim,
           V = c(suspect, partner), x = 1, theta = 0.03)
[1] 9.429552
## Note: a person carrying both alleles different from the alleles
## in the crime sample (e.g., with genotype "16/16") has no effect
## on the value of LR:
1/Pevd.gen( alleles = m, prob = p, T = victim,
           V = c(suspect, partner, "16/16"), x = 1, theta = 0.03)
[1] 9.429552
## But the consensual partner of the victim having genotype "15/16"
## influences the value of LR, compare:
1/Pevd.gen( alleles = m, prob = p, T = victim, V = suspect,
           x = 1, theta = 0.03)
[1] 10.46689
##
## population in Hardy - Weinberg equilibrium
1/Pevd.gen( alleles = m, prob = p, T = victim,
           V = c(suspect, partner), x = 1)
[1] 18.07272
1/Pevd.gen( alleles = m, prob = p, T = victim, x = 1)
[1] 18.07272
## compare
1/Pevd.ind( alleles = m, prob = p, u = 15, x = 1)
[1] 18.07272

```

## 2.5 La fonction Pevd.rel()

Cette fonction est basée sur l'article de Hu & Fung (2003) [6] pour l'interprétation des mélanges en présence de relations de parenté génétique (*cf.* Tab 1).

```

## Rape case in Hong Kong (Fung and Hu (2000))
## mixture (loci: D3S1358, vWA, FGA)
m1 <- c(14, 15, 17, 18)
m2 <- c(16, 18)
m3 <- c(20, 24, 25)
## genotype of the victim (loci: D3S1358, vWA, FGA):
victim_1 = "15/18"
victim_2 = "18/18"
victim_3 = "20/24"
## genotype of the suspect (loci: D3S1358, vWA, FGA):
suspect_1 = "14/17"
suspect_2 = "16/16"
suspect_3 = "25/25"
## allele proportions

```

Relationship	$k_0$	$k_1$	$k_2$
Parent - child	0	1	0
Grandparent - grandchild	1/2	1/2	0
Full sibs	1/4	1/2	1/4
Halfsibs	1/2	1/2	0
Uncle - nephew	1/2	1/2	0
First cousins	3/4	1/4	0
Second cousins	15/16	1/16	0
Unrelated	1	0	0

TAB. 1 – Le codage des relations de parenté génétique.

```

p1 <- c(0.033, 0.331, 0.239, 0.056)
p2 <- c(0.155, 0.158)
p3 <- c(0.042, 0.166, 0.106)
##
## Likelihood ratio for DNA evidence:
## Prosecution proposition:
## Contributors were the victim and the suspect.
## Defence proposition 1:
## Contributors were the victim and one relative of the suspect (sibling).
print(LR11 <- 1 / Pevid.rel(alleles = m1, prob = p1, x = 1,
  k = c(1/4, 1/2, 1/4), S = suspect_1, u = c(14, 17)))
[1] 3.106135
print(LR12 <- 1 / Pevid.rel(alleles = m2, prob = p2, x = 1,
  k = c(1/4, 1/2, 1/4), S = suspect_2, u = 16))
[1] 2.354319
print(LR13 <- 1 / Pevid.rel(alleles = m3, prob = p3, x = 1,
  k = c(1/4, 1/2, 1/4), S = suspect_3, u = 25))
[1] 2.376240
##
## Defence proposition 2:
## Contributors were one relative of the suspect (sibling) and one unknown.
print(LR21 <- 1 / Pevid.rel(alleles = m1, prob = p1, x = 2,
  k = c(1/4, 1/2, 1/4), S = suspect_1, u = m1))
[1] 56.47213
print(LR22 <- 1 / Pevid.rel(alleles = m2, prob = p2, x = 2,
  k = c(1/4, 1/2, 1/4), S = suspect_2, u = m2))
[1] 29.36375
print(LR23 <- 1 / Pevid.rel(alleles = m3, prob = p3, x = 2,
  k = c(1/4, 1/2, 1/4), S = suspect_3, u = m3))
[1] 116.6245
##
## Defence proposition 3:
## Contributors were two related people (siblings).
print(LR31 <- 1 / Pevid.rel(alleles = m1, prob = p1, x = 2,
  k = c(1/4, 1/2, 1/4), u = m1))
[1] 1140.042
print(LR32 <- 1 / Pevid.rel(alleles = m2, prob = p2, x = 2,
  k = c(1/4, 1/2, 1/4), u = m2))
[1] 38.69604
print(LR33 <- 1 / Pevid.rel(alleles = m3, prob = p3, x = 2,
  k = c(1/4, 1/2, 1/4), u = m3))
[1] 343.2576
##
## Likelihood ratios overall:
## for defence proposition 1
LR11*LR12*LR13
[1] 17.37704

```



**Table 5** The effect of kinship relationship on the likelihood ratios in a rape case of Hong Kong (see Table 4), where the prosecution proposition is  $H_p$ : contributors were the victim and the suspect, and the defense proposition takes three different forms

$H_{d1}$ : contributors were the victim and one relative of the suspect.  
 $H_{d2}$ : contributors were one relative of the suspect and one unknown.  
 $H_{d3}$ : contributors were two related persons (relatives).  
 \*The same as the grandparent-child and the uncle-niece relationship.  
<sup>b</sup>The parent-child relationship is impossible for a mixture of four distinct alleles.

Defense proposition	Relationship	Likelihood ratios			Overall
		D3S1358	vWA	FGA	
$H_{d1}$	Parent-child	7.35	3.19	3.18	74.56
	Siblings	3.11	2.35	2.38	17.39
	Half-siblings <sup>a</sup>	13.18	5.18	5.42	370.04
	Cousins	21.82	7.52	8.33	1,366.84
	Second cousins	42.94	11.36	13.99	6,824.30
	Unrelated	63.40	13.70	18.07	15,695.24
$H_{d2}$	Parent-child	66.11	37.12	113.83	279,339
	Siblings	56.47	29.36	116.62	193,351
	Half-siblings <sup>a</sup>	107.33	56.60	172.87	1,050,164
	Cousins	155.94	76.73	233.39	2,792,575
	Second cousins	236.14	104.64	316.49	7,820,369
	Unrelated	285.01	119.08	359.11	12,187,830
$H_{d3}$	Parent-child	<sup>b</sup>	43	226	9,718
	Siblings	1140	39	343	15,249,780
	Half-siblings <sup>a</sup>	570	64	277	10,104,960
	Cousins	380	83	313	9,872,020
	Second cousins	304	107	346	11,254,688
	Unrelated	285	119	359	12,175,485

FIG. 3 – Copie d'écran des résultats publiés dans [6].

```
## for defence proposition 2
LR21*LR22*LR23
[1] 193390.7

## for defence proposition 3
LR31*LR32*LR33
[1] 15142849
```

On retrouve ici, au moins pour les deux premiers chiffres significatifs, les résultats de l'article (*cf.* figure 2).

## 2.6 La fonction Pmatch()

Basée sur l'article de Balding & Nichols (1994) [1]. L'exemple est le suivant :

```
## match probability of thirteen-locus genotype
## (11 heterozygous and 2 homozygous loci)
p<-c(0.057,0.160,0.024,0.122,0.078,0.055,0.035,0.150,
      0.195,0.027,0.084,0.061,0.122,0.083,0.164,0.065,0.143,
      0.151,0.167,0.180,0.099,0.182,0.120,0,0.182,0)
## suspect and offender are unrelated
Pmatch(p)

$prob
      locus 1 locus 2 locus 3 locus 4 locus 5 locus 6 locus 7 locus 8 locus 9
allele 1   0.057   0.024   0.078   0.035   0.195   0.084   0.122   0.164   0.143
allele 2   0.160   0.122   0.055   0.150   0.027   0.061   0.083   0.065   0.151
      locus 10 locus 11 locus 12 locus 13
allele 1   0.167   0.099   0.12   0.182
allele 2   0.180   0.182   0.00   0.000
$match
      locus 1 locus 2 locus 3 locus 4 locus 5 locus 6 locus 7 locus 8 locus 9
[1,] 0.01824 0.005856 0.00858 0.0105 0.01053 0.010248 0.020252 0.02132 0.043186
      locus 10 locus 11 locus 12 locus 13
[1,] 0.06012 0.036036 0.0144 0.033124

$total_match
[1] 2.000916e-23

## suspect and offender are unrelated but members of the same
## subpopulation with the coancestry coefficient theta
Pmatch(p, theta = 0.03)
```

```

$prob
  locus 1 locus 2 locus 3 locus 4 locus 5 locus 6 locus 7 locus 8 locus 9
allele 1  0.057  0.024  0.078  0.035  0.195  0.084  0.122  0.164  0.143
allele 2  0.160  0.122  0.055  0.150  0.027  0.061  0.083  0.065  0.151
  locus 10 locus 11 locus 12 locus 13
allele 1  0.167  0.099  0.12  0.182
allele 2  0.180  0.182  0.00  0.000
$match
  locus 1 locus 2 locus 3 locus 4 locus 5 locus 6 locus 7
[1,] 0.02893517 0.01447803 0.01613255 0.02055912 0.02255732 0.01820969 0.03002941
  locus 8 locus 9 locus 10 locus 11 locus 12 locus 13
[1,] 0.03222915 0.05453793 0.07195668 0.04768316 0.03334765 0.05774626

$total_match
[1] 1.990456e-20
## suspect and offender are close relatives (cousins)
Pmatch(p, k = c(3/4, 1/4, 0))

$prob
  locus 1 locus 2 locus 3 locus 4 locus 5 locus 6 locus 7 locus 8 locus 9
allele 1  0.057  0.024  0.078  0.035  0.195  0.084  0.122  0.164  0.143
allele 2  0.160  0.122  0.055  0.150  0.027  0.061  0.083  0.065  0.151
  locus 10 locus 11 locus 12 locus 13
allele 1  0.167  0.099  0.12  0.182
allele 2  0.180  0.182  0.00  0.000
$match
  locus 1 locus 2 locus 3 locus 4 locus 5 locus 6 locus 7 locus 8
[1,] 0.040805 0.022642 0.02306 0.031 0.0356475 0.025811 0.040814 0.044615
  locus 9 locus 10 locus 11 locus 12 locus 13
[1,] 0.0691395 0.088465 0.062152 0.0408 0.070343

$total_match
[1] 1.207277e-18
## suspect and offender are close relatives (cousins) and
## members of the same subpopulation with the coancestry
## coefficient theta
Pmatch(p, k = c(3/4, 1/4, 0), theta = 0.03)

$prob
  locus 1 locus 2 locus 3 locus 4 locus 5 locus 6 locus 7 locus 8 locus 9
allele 1  0.057  0.024  0.078  0.035  0.195  0.084  0.122  0.164  0.143
allele 2  0.160  0.122  0.055  0.150  0.027  0.061  0.083  0.065  0.151
  locus 10 locus 11 locus 12 locus 13
allele 1  0.167  0.099  0.12  0.182
allele 2  0.180  0.182  0.00  0.000
$match
  locus 1 locus 2 locus 3 locus 4 locus 5 locus 6 locus 7
[1,] 0.05452783 0.03532697 0.03503752 0.04447881 0.05033304 0.038008 0.05393589
  locus 8 locus 9 locus 10 locus 11 locus 12 locus 13
[1,] 0.05841094 0.08279422 0.1020974 0.0761228 0.06782627 0.1007223

$total_match
[1] 7.95361e-17
##
## one locus
Pmatch(p[1:2], theta = 0.03)

$prob
  locus 1
allele 1  0.057
allele 2  0.160
$match
  locus 1
[1,] 0.02893517

$total_match
[1] 0.02893517
Pmatch(p[25:26], theta = 0.03)

$prob
  locus 1
allele 1  0.182
allele 2  0.000
$match
  locus 1
[1,] 0.05774626

$total_match
[1] 0.05774626
## compare
Pvid.gen(alleles = c(1, 2), prob = p[1:2], V = "1/2", x = 1,
theta = 0.03)

```

[1] 0.02893517

```
Pevd.gen(alleles = "a", prob = p[25], V = "a/a", x = 1,  
theta = 0.03)
```

[1] 0.05774626

## Références

- [1] D.J. Balding and R.A. Nichols. DNA profile match probability calculation : how to allow for population stratification, relatedness, database selection and single bands. *Forensic Science International*, 64 :125–140, 1994.
- [2] N. Fukshansky and W. Bär. Interpreting forensic DNA evidence on the basis of hypotheses testing. *International Journal of Legal Medicine*, 111 :62–66, 1998.
- [3] W.K. Fung and Y.Q. Hu. Interpreting DNA mixtures based on the NRC-II recommendation 4.1. *Forensic Sci. Commun.*, 2 :1–9, 2000.
- [4] W.K. Fung and Y.Q. Hu. The evaluation of mixed stains from different ethnic origins : general result and common cases. *International Journal of Legal Medicine*, 115 :48–53, 2001.
- [5] W.K. Fung and Y.Q. Hu. The statistical evaluation of DNA mixtures with contributors from different ethnic groups. *International Journal of Legal Medicine*, 116 :79–86, 2002.
- [6] Y.Q. Hu and W.K. Fung. Interpreting DNA mixtures with the presence of relatives. *International Journal of Legal Medicine*, 117 :39–45, 2003.
- [7] B.S. Weir, C.M. Triggs, L. Starling, L.I. Stowell, K.A.J. Walsh, and J. Buckleton. Interpreting DNA mixtures. *J. Forensic Sci.*, 42 :213–222, 1997.