

PRUEBAS DE PATERNIDAD SI SE DESCONOCE EL GENOTIPO DEL PADRE

Sánchez García, M.¹, Sobrón Fernández, M. I.² & Arroyo Pardo, E.³

¹ Facultad de Medicina, Departamento de Estadística e Investigación Operativa,
Universidad Complutense de Madrid. 28040 Madrid

² Facultad de Matemáticas, Departamento de Estadística e Investigación Operativa,
Universidad Complutense de Madrid. 28040 Madrid

³ Facultad de Medicina, Departamento de Medicina Legal y Toxicología (Biología Forense)
Universidad Complutense de Madrid. 28040 Madrid

Resumen

La decisión sobre la paternidad biológica de un presunto padre se suele tomar en función del valor del índice de paternidad, según se explica en (1), (2), (3) y (4). El índice de paternidad se puede relacionar con un test de hipótesis estadístico, que es la herramienta adecuada para decidir sobre la paternidad biológica, según se explica en (2) y (3). En el modelo que se propone, se supone que se miden los genotipos del hijo y de la madre sobre varios sistemas genéticos, aunque no se pueden tipar directamente los genotipos del presunto padre. Se supone que se conoce información parcial sobre los genotipos del presunto padre, en función del genotipo de sus padres, es decir, los abuelos del niño. Se desarrollan modelos donde el presunto padre es aleatorio. El objetivo es calcular, o más bien estimar, en función de los modelos aleatorios, la probabilidad de paternidad, o, mejor, su medida asociada del índice de paternidad, por varios estadísticos, tales como el valor máximo, el mínimo, el maxmin, el valor medio y los fractiles; en particular el primer, segundo y tercer cuartil.

Palabras Clave: Pruebas de Paternidad. Test de Hipótesis. Probabilidad de Paternidad. Modelo aleatorio, Maxmin, Fractiles.

Abstract

The decision in paternity testing is usually made according to the value of paternity index (1-4). Paternity index can be related to a statistical hypothesis test, this being the most suitable tool (2, 3). In the present model, it is assumed that genotypes from several genetic systems are known in the case of the mother and the son, despite it is not possible to type directly the genotypes of the alleged father. We assume that it is available some information of the genotypes of the alleged father as a function of the genotypes of his parents or, in other words, of the grandparents of the child. It is developed some models where the alleged father has been chosen randomly. The aim is to calculate the probability of paternity as a function of random models or the value of the probability of paternity associated to the paternity index according to several statistics: maximum value, minimal value, maxmin, mean value and fractiles, specially the first, second and third quartiles.

Keywords: Paternity testing, hypothesis test, probability of paternity, random model, maxmin, fractiles.

1. Introducción.

Cuando se tipa el DNA se obtienen datos genéticos que son útiles para resolver varios tipos de problemas. En la práctica, se conocen técnicas precisas para tipar DNA y, con ellas, se pueden obtener con facilidad, para muchos sistemas, los alelos de cada persona. Estos datos alélicos son de gran ayuda para identificar a presuntos criminales, presuntos violadores ó presuntos padres. Prueba de lo que se dice, son las referencias de Aitken (1), Sánchez y otros (2,3) y Weir B. S.(4); así como las innumerables citas de las obras (1) y (4). En este artículo se desarrollan técnicas para calcular la probabilidad de paternidad, o su medida asociada, el índice de paternidad, en el supuesto de que no se pueda conocer directamente el genotipo del presunto padre; aunque se puede obtener información sobre dicho genotipo en función del genotipo de sus padres.

El artículo se estructura en cinco apartados. Después de esta introducción, se exponen, en el epígrafe 2, los conceptos necesarios para formular diferentes modelos. Las ideas del apartado 2, se han tomado de las referencias (2 y 3) ya citadas. En el epígrafe 3, se explican las técnicas para calcular las probabilidades y los índices de paternidad. En el epígrafe 4 se calculan índices de paternidad, por distintos métodos, para los supuestos considerados. En el apartado cinco se desarrolla un caso práctico.

2. Conceptos y formulación de modelos

Definición 2.1. Un sistema S_j es un trozo de DNA sobre el que se miden, en cada persona, dos alelos, que pueden ser iguales ó distintos. Cada uno de los dos alelos pertenece a un conjunto finito, que se denota por CA_j . El conjunto $CA_j = (A_{j_1}, A_{j_2}, \dots, A_{j_n})$ está formado por los alelos que caracterizan al sistema.

Si los dos alelos son iguales el sistema es *Homozigótico*, mientras que si son diferentes el sistema se denomina *Heterozigótico*.

Se denota por Ω a la población de referencia; que está formada por el conjunto de personas que pueden ser tipadas. Asociado con cada sistema S_j existe la función genotípica:

$$\Psi_j: CA_j \rightarrow CA_j$$

La función Ψ_j asigna a cada persona $\alpha \in \Omega$, sus dos alelos en el sistema S_j .

Las leyes de la herencia genética afirman que uno de los dos alelos del genotipo del hijo, en cada sistema, procede del padre biológico y el otro de la madre. Por tanto, si en uno ó más sistemas, el alelo, ó alelos, del genotipo del hijo no heredado de la madre, no pertenece al genotipo del

presunto padre, entonces, salvo en el caso de una posible mutación ó de un error en la medida, el presunto padre no puede ser el padre biológico.

Si se caracteriza a cada persona α por sus alelos; esto es, $\alpha = (A_i : A_s)$, entonces se pueden definir dos variables $\xi_1(\alpha)$ y $\xi_2(\alpha)$ como $\xi_1(\alpha) = A_i$ y $\xi_2(\alpha) = A_s$. Con la notación anterior, la ley de equilibrio de Hardy-Weinberg se puede enunciar diciendo que las variables $\xi_1(\alpha)$ y $\xi_2(\alpha)$ son independientes; esto es:

$$P\{\alpha / \xi_1(\alpha) = A_i, \xi_2(\alpha) = A_s\} = P\{\alpha / \xi_1(\alpha) = A_i\} P\{\alpha / \xi_2(\alpha) = A_s\}$$

En lo que sigue se supone que se cumple la ley de Hardy-Weinberg.

En muchas ocasiones, al tipar un sistema en una persona α , no se suele poder distinguir entre el par de alelos $(A_i : A_s)$ y el par de alelos $(A_s : A_i)$. En este supuesto:

$$P_j(A_i : A_s) = 2P_j(A_i)P_j(A_s)$$

3. Desarrollo de técnicas para el cálculo de probabilidades

Se admite que se pueden medir los alelos en k sistemas genéticos, denotados por S_1, S_2, \dots, S_k . Se suponen conocidos los genotipos de la madre y del hijo para k sistemas. Sean estos:

$$AM = \left\{ (A_{m1i_1}, A_{m1i_2}), (A_{m2i_1}, A_{m2i_2}), (A_{m3i_1}, A_{m3i_2}), \dots, (A_{mki_1}, A_{mki_2}) \right\}$$

y

$$AH = \left\{ (A_{h1i_1}, A_{h1i_2}), (A_{h2i_1}, A_{h2i_2}), (A_{h3i_1}, A_{h3i_2}), \dots, (A_{hki_1}, A_{hki_2}) \right\};$$

donde, en el sistema S_s , m indica genotipos de la madre, h indica hijo, s indica el sistema e i_1, i_2 representan los subíndices de los alelos 1 y 2 de la madre o del hijo para el sistema S .

En (3) se clasifican los sistemas y se dan métodos para calcular las probabilidades de consistencia y paternidad en el supuesto de que se conozcan los alelos del hijo, de la madre y del presunto padre. Se hará referencia a (3) cuando se utilicen estas fórmulas.

Si se denota por PAP_j a los presuntos padres aleatorios, las probabilidades de consistencia y paternidad medias se calculan como el producto de las probabilidades de consistencia PC y de paternidad PP para cada sistema; esto es:

$$PC(AP / AH) = \prod_{j=1}^K \sum_{PAP_j \in COMP} PC(PAP_j / AM_j; AH_j) PC(PAP_j)$$

y

$$= PP(AP / AH) = \prod_{j=1}^K \sum_{PAP_j \in COMP_j} PP(PAP_j / AM_j, AH_j) P(PAP_j).$$

El test de hipótesis al que se hace referencia se define en (2 y 3). El test de hipótesis se construye partiendo Ω en Ω_{10} y Ω_{1a} ; decidiendo S_0 cuando $\omega \in \Omega_{10}$ y S_a si $\omega \in \Omega_{1a}$.

En el test propuesto, se denota por ω a los abuelos y por $AB(\omega)$ a las bandas alélicas, o genotipos, de ω para los k sistemas, y por $HAB(\omega)$ a los posibles hijos que son descendientes de $AB(\omega)$. Con este supuesto, $\Omega_{10} = \{\omega \in \Omega / HAB(\omega) \text{ son consistentes con } AM \text{ y } AH\}$.

Con este test se verifica: $P(S_a / H_0) = P(\Omega_{1a} / H_0) = 0$ y $P(S_0 / H_0) = P(\Omega_{10} / H_0) = 1$. Como consecuencia, salvo en el caso de mutación o error en la medida, el error del primer tipo del test es cero.

El error del segundo tipo depende del espacio de probabilidad Ω , de la información disponible sobre los genotipos de los presuntos abuelos y del número de sistemas analizados. En el supuesto de medir k sistemas, obteniendo como medidas $AB(\omega) = (AB_1, AB_2, \dots, AB_j, \dots, AB_k)$, se tiene el resultado:

$$\Omega_{10} = \bigcap_{j=1}^K \{\omega \in \Omega / HAB_j(\omega) \text{ es consistente con } AM_j \text{ y } AH_j\}$$

y por tanto:

$$\Omega_{1a} = \Omega - \Omega_{10} = \{\omega \in \Omega / HAB(\omega) \text{ no es consistente con } AM \text{ y } AH \text{ para al menos un sistema}\}.$$

El error del segundo tipo, para la consistencia es igual a $P(\Omega_{10} / H_0)$. En el supuesto de que los k sistemas son independientes se hace por la fórmula:

$$P(\Omega_{10}) = \prod_{j=1}^k PC_j \{\omega \in \Omega / HAP_j(\omega) \text{ es consistente con } AM_j \text{ y } AH_j\}$$

con

$$P(HAP_j(AB(\omega))) = \prod_{j=1}^k P_j(\Omega_{10,j}) = \sum_{\omega \in \Omega} \prod_{j=1}^k \sum_{AM_j \in COMP} PC_j(\omega / AM_j; AH_j) P(AM_j) P(\omega).$$

El error para la probabilidad de paternidad se calcula sustituyendo PC_j por PP_j

Llamando BA_j a todas las posibles bandas alélicas del sistema S_j , la fórmula previa se simplifica, dando lugar a:

$$\sum_{\omega \in \Omega} \prod_{j=1}^K PC_j(\omega / AM_j; AH_j) P(\omega) = \sum_{HAB \in BA} \prod_{j=1}^K PC_j(HAB_j / AM_j; AH_j) \sum_{\omega \in AP_j} P(\omega) =$$

$$\sum_{HAB \in BA} \prod_{j=1}^K PC_j(HAB_j / AM_j; AH_j) P(HAB_j).$$

Las probabilidades de paternidad se obtienen reemplazando la probabilidad de consistencia PC ; por la probabilidad de paternidad PP .

4. Cálculo de probabilidades en cada tipo de sistema

Se supone que no se dispone siempre de la misma información sobre el genotipo de los abuelos. Se analizarán distintos supuestos, que por enumeración se comprueba que cubren todos los casos posibles.

(C1) No se conoce nada de información sobre el genotipo de los abuelos

Cuando no se conoce nada sobre los genotipos de los abuelos, el elegir los dos abuelos aleatoriamente de la población de referencia es equivalente a elegir el padre aleatoriamente de la población de referencia.

En efecto, sea $A_i : A_j$ el padre elegido aleatoriamente de la población de referencia. Sin pérdida de generalidad se puede suponer que el alelo A_i procede de la madre y el alelo A_j procede del padre. Debido a la independencia, sólo se va a realizar el desarrollo para la madre, o abuela del hijo. La madre aleatoria del presunto padre, o abuela; tiene que ser de la forma $A_i : A_k$ o $A_k : A_i$. La probabilidad de transmitir el alelo A_i es $P(A_i : A_i) + 0.5 \sum_{k \neq i} P(A_i : A_k) + 0.5 \sum_{k \neq i} P(A_k : A_i) = P(A_i)$; donde $P(A_i)$ es la probabilidad de tomar aleatoriamente el alelo A_i de una población de alelos. Esto demuestra el resultado.

(C2) Sólo se conoce un alelo de uno de los dos abuelos.

Los genotipos del presunto padre pueden ser de dos tipos

(T1) Se forma con el alelo conocido de A y con otro alelo elegido aleatoriamente de la población de referencia.

(T2) Se forma con dos alelos elegidos aleatoriamente de la población.

(C3) Sólo se conoce el genotipo de uno de los abuelos.

Sea A este abuelo. Los genotipos del presunto padre se forma eligiendo aleatoriamente uno de los dos alelos del genotipo de A y el otro alelo se elige aleatoriamente de la población de referencia.

(C4) Se conoce sólo un alelo de A_1 y otro alelo de A_2 .

En este supuesto, los 4 tipos posibles de genotipos del presunto padre son:

- (H1) Se forma con el alelo conocido de A_1 y con el alelo conocido de A_2 .
- (H2) Se forma con el alelo conocido de A_1 y con un alelo elegido aleatoriamente de la población.
- (H3) Se forma con un alelo elegido aleatoriamente de la población y con el alelo conocido de A_2 .
- (H4) Se forma con dos alelos elegidos aleatoriamente de la población de referencia.
- (C5) Se conoce el genotipo de un abuelo A_1 y un alelo del otro abuelo A_2 .**

En este supuesto, hay dos tipos posibles de genotipos del presunto padre, que son:

- (H1) Se forma con un alelo conocido de A_1 y con el alelo conocido de A_2 .
- (H2) Se forma con un alelo conocido de A_1 y con un alelo aleatorio de A_2 .
- (C6) Se conocen los genotipos de los dos abuelos A_1 y A_2 .**

En este supuesto el presunto padre se forma con un alelo conocido de A_1 y con otro alelo conocido de A_2 .

Observación 1. De los abuelos, por sistema, se pueden obtener cuatro posibles hijos, o presuntos padres, admitiendo que alguno puede tener genotipo repetido. A cada uno de estos cuatro posibles hijos se les asigna probabilidad 0.25; y la probabilidad de consistencia o paternidad se calcula sumando las probabilidades de consistencia o paternidad de estos cuatro posibles hijos, multiplicadas por 0.25 cada una. La suma se debe extender a todos los posibles hijos.

Observación 2. De la casuística precedente se deduce que sólo hay tres tipos de posibles presuntos padres. Los índices de paternidad que se calculan son índices de paternidad medios. Como en (3) se puede considerar que los índices de paternidad son aleatorios y con ellos calcular distintos índices de paternidad.

TIPO I. Los dos alelos del presunto padre son aleatorios. Para estos presuntos padres tanto el índice de paternidad, como el índice de consistencia valen uno

TIPO II. Uno de los alelos del presunto padre es aleatorio y el otro es fijo.

Los índices de paternidad IP y de consistencia IC son según qué clase de sistemas:

CLASE I. Sólo uno de los alelos del hijo es aportado por la madre. El otro alelo tiene que ser aportado por el padre. A su vez se pueden dar dos subclases.

SUBCLASE I. El alelo fijo A_j del presunto padre coincide con el alelo del hijo no aportado por la madre. En este supuesto los índices de consistencia y paternidad son:

$$IP(S/M, H) = (0.5 + 0.5P(A_j)) / P(A_j) \text{ e } IC(S/M; H) = 1 / P(A_j)(2 - P(A_j))$$

SUBCLASE II. El alelo fijo A_j del presunto padre no coincide con el alelo del hijo no aportado por la madre. En este caso los índices de consistencia y paternidad son:

$$IP(S/M, H) = 0.5P(A_j) / P(A_j) = 0.5$$

$$IC(S/M, H) = P(A_j) / P(A_j)(2 - P(A_j)) = 1 / (2 - P(A_j))$$

CLASE II. Los dos alelos del hijo Heterocigótico coinciden con los dos de la madre. Sean estos alelos $A_i : A_j$. A su vez se pueden dar dos subclases.

SUBCLASE I. El alelo fijo A_j del presunto padre coincide con uno de los alelos del hijo.

En este supuesto los índices de consistencia y paternidad son:

$$IP(S/M, H) = (0.5 + 0.5(P(A_i) + P(A_j))) / (P(A_i) + P(A_j))$$

$$IC(S/M, H) = 0.5(1 + P(A_j)) / P(A_j)(2 - P(A_j))$$

SUBCLASE I. El alelo fijo A_j del presunto padre coincide con uno de los alelos del hijo.

En este supuesto los índices de consistencia y paternidad son:

$$IP(S/M, H) = 0.25P(A_i) / 0.5(P(A_i) + P(A_j)) = 0.5P(A_i) / (P(A_i) + P(A_j))$$

$$IC(S/M, H) = 0.5P(A_j) / P(A_j)(2 - P(A_j))$$

TIPO III. Los dos alelos del presunto padre son conocidos:

Los índices de paternidad IP y de consistencia IC son según la clase de sistemas:

CLASE I. Sólo uno de los alelos del hijo es aportado por la madre. El otro alelo tiene que ser aportado por el padre. A su vez se pueden dar tres subclases.

SUB1. El padre es homocigótico y su alelo A_j coincide con el del hijo no aportado por la madre. En este supuesto $IP(S) = IC(S) = 1 / P(A_j)$

SUB2. Sólo el alelo A_i del padre coincide con el alelo del hijo no aportado por la madre. En este caso:

$$IP = 0.5 / P(A_j)$$

$$IC = 1 / P(A_j)(2 - P(A_j))$$

SUB3 Ninguno de los alelos del presunto padre es igual al alelo del hijo no aportado por la madre. En este caso $IP = IC = 0$.

CLASE II. Los dos alelos del hijo Heterocigótico coinciden con los dos de la madre. Sean estos alelos $A_i : A_j$. A su vez se pueden dar dos subclases.

SUB1. El genotipo del presunto padre es $A_i : A_j$. En este caso se verifica:

$$IP = 0.5 / 0.5(P(A_i) + P(A_j)) = 1 / (P(A_i) + P(A_j)) \text{ e } IC = 1 / P_j, \text{ donde:}$$

$$P_{ij} = (1 - 0.5P(A_i)) + (1 - 0.5P(A_j)) - P(A_i)P(A_j)$$

SUB 2. Sólo uno de los dos alelos del supuesto padre coincide con uno de los alelos del hijo.

Si el supuesto padre es homocigótico $A_i : A_j$ entonces:

$$IP = 0.5 / 0.5(P(A_i) + P(A_j)) = 1 / (P(A_i) + P(A_j)) \text{ e } IC = 0.5 / P(A_j)(2 - P(A_j))$$

Si el supuesto padre es heterocigótico y el único alelo que coincide es A_j , se tiene:

$$IP = 0.25 / 0.5(P(A_i) + P(A_j)) = 0.5 / (P(A_i) + P(A_j)) \text{ e } IC = 0.5 / P(A_j)(2 - P(A_j)).$$

Observación III

La información sobre los abuelos se obtiene, por lo general, de observaciones obtenidas de los propios abuelos, o bien de algunos de sus hijos, que serán hermanos del presunto padre, o de sobrinos del presunto padre, que serán nietos de los abuelos.

Si sólo se conoce un hermano del presunto padre se tendrá una información similar a IV. Entre más genotipos se conozcan de hermanos del presunto padre, más se conocerá sobre los genotipos de los abuelos. En el supuesto de que en un sistema se conozca el genotipo de, al menos, dos hermanos que no tienen ningún alelo en común, se puede inferir sin ambigüedad el genotipo de los dos abuelos. Podría suceder que se dieran incompatibilidades cuando se conocen los genotipos de varios hermanos, tres o más. Se deja el estudio de las variantes que se pueden producir en lo apuntado en esta observación para un trabajo posterior.

Llamando E a la información disponible, se tiene la igualdad:

$$\frac{P(H_0 / E)}{P(H_a / E)} = \frac{P(E / H_0)}{P(E / H_a)} \cdot \frac{P(H_0)}{P(H_a)}$$

Que se obtiene como consecuencia de aplicar el teorema de Bayes.

Se aplica el desarrollo anterior al cálculo de la probabilidad de paternidad a un caso práctico

5. Cálculo práctico.

Los siguientes cálculos se extienden a doce sistemas; cada uno de los cuales tiene, respectivamente, 8, 6, 7, 7, 8, 7, 12, 7, 9, 6, 7 y 7 alelos.

En la Tabla Nº 1, se exponen los alelos madre-hijo, para los doce sistemas.

En la Tabla Nº 2, se colocan, para los doce sistemas, los alelos que no hereda el hijo de la madre. Si el sistema es de la clase 3, se colocan los dos alelos del hijo.

En la Tabla Nº 3, se escriben los alelos de un presunto padre.

En la Tabla Nº 4, se muestran los alelos de dos presuntos abuelos.

En la Tabla Nº 5, se muestran los alelos de las cuatro clases de posibles descendientes de los presuntos abuelos de la tabla Nº 4, para los doce sistemas.

Tabla n° 1 . Alelos madre - hijo para los doce sistemas

| | S1 | S2 | S3 | S4 | S5 | S6 | S7 | S8 | S9 | S10 | S11 | S12 |
|-----------|----|----|----|----|----|----|----|----|----|-----|-----|-----|
| MADRE.AL1 | 1 | 2 | 4 | 2 | 3 | 5 | 1 | 3 | 5 | 3 | 3 | 4 |
| MADRE.AL2 | 3 | 3 | 5 | 4 | 5 | 5 | 5 | 4 | 7 | 5 | 4 | 6 |
| HIJO.AL1 | 3 | 3 | 1 | 2 | 3 | 3 | 1 | 3 | 6 | 4 | 3 | 4 |
| HIJO.AL2 | 3 | 4 | 5 | 4 | 5 | 5 | 5 | 4 | 7 | 5 | 4 | 5 |

Tabla n° 2 . Alelos de los presuntos abuelos para los doce sistemas.

| | S1 | S2 | S3 | S4 | S5 | S6 | S7 | S8 | S9 | S10 | S11 | S12 |
|-------------|----|----|----|----|----|----|----|----|----|-----|-----|-----|
| Abuelo AL1 | 3 | - | 1 | 2 | 5 | - | 3 | 5 | - | 4 | 3 | 5 |
| Abuelo.AL1 | - | - | - | 5 | - | - | 3 | - | - | - | 4 | - |
| Abuela .AL2 | 3 | 3 | 2 | 4 | - | 3 | 1 | 3 | 6 | 4 | 4 | 5 |
| Abuela .AL2 | - | 6 | - | - | - | 5 | - | - | - | 5 | - | - |

Tabla n°3.Probabilidades de los alelos de los 12 sistemas.

| ALELOS | AL1 | AL2 | AL3 | AL4 | AL5 | AL6 | AL7 | AL8 | AL9 |
|-------------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| SISTEMA. 1 | .0055 | .0154 | .2604 | .2989 | .3352 | .0758 | .0066 | .0022 | |
| SISTEMA. 2 | .0010 | .5207 | .1074 | .0651 | .2686 | .0372 | | | |
| SISTEMA. 3 | .2235 | .1628 | .1445 | .1888 | .2736 | .0058 | .0010 | | |
| SISTEMA. 4 | .0251 | .1279 | .0251 | .2922 | .3105 | .1918 | .0274 | | |
| SISTEMA .5 | .0261 | .1674 | .1261 | .2826 | .1913 | .1652 | .0370 | .0043 | |
| SISTEMA. 6 | .1587 | .0522 | .0652 | .2912 | .2783 | .1174 | .0370 | | |
| SISTEMA. 7 | .0856 | .0525 | .2100 | .2763 | .3299 | .0068 | .0011 | .0091 | .0057 |
| SISTEMA. 7 | .0172 | .0034 | .0240 | | | | | | |
| SISTEMA. 8 | .0076 | .0013 | .3159 | .3683 | .2455 | .0563 | .0051 | | |
| SISTEMA. 9 | .0020 | .0020 | .0996 | .1312 | .2327 | .2889 | .1578 | .0730 | .0128 |
| SISTEMA 10 | .0993 | .0073 | .2684 | .2022 | .4191 | .0037 | | | |
| SISTEMA. 11 | .0025 | .0330 | .3807 | .3096 | .2208 | .0508 | .0026 | | |
| SISTEMA. 12 | .0347 | .1485 | .2475 | .2673 | .1337 | .1634 | .0500 | | |

Tabla n° 4. Índices de consistencia y sus probabilidades

| | INPAT | PROBAB | INPAT | PROBABI | INPAT | PROBABI |
|------------|-------|---------|-------|---------|-------|---------|
| SISTEMA 1 | 0.0 | 0.13675 | 1.92 | 0.46610 | 3.84 | 0.39715 |
| SISTEMA 2 | 0.0 | 0.93490 | 7.68 | 0.0651 | | |
| SISTEMA 3 | 0.0 | 0.34486 | 2.24 | 0.58677 | 4.47 | 0.06836 |
| SISTEMA 4 | 0.0 | 0.14998 | 0.86 | 0.32305 | 1.95 | 0.17695 |
| SISTEMA 4 | 2.38 | 0.32305 | 3.91 | 0.03198 | | |
| SISTEMA 5 | 0.0 | 0.23297 | 1.31 | 0.47188 | 1.98 | 0.08608 |
| SISTEMA 5 | 2.61 | 0.11395 | 3.97 | 0.00795 | | |
| SISTEMA 6 | 0.0 | 0.46740 | 7.67 | 0.5000 | 15.34 | 0.03260 |
| SISTEMA 7 | 0.0 | 0.30305 | 0.76 | 0.16495 | 2.92 | 0.54280 |
| SISTEMA 8 | 0.0 | 0.10388 | 0.68 | 0.15023 | 0.79 | 0.45781 |
| SISTEMA 8 | 1.36 | 0.03391 | 1.46 | 0.15025 | 1.58 | 0.10392 |
| SISTEMA 9 | 0.0 | 0.25283 | 1.73 | 0.56099 | 3.46 | 0.18618 |
| SISTEMA 10 | 0.0 | 0.19945 | 2.47 | 0.50000 | 4.95 | 0.30055 |
| SISTEMA 11 | 0.66 | 0.07743 | 0.81 | 0.07743 | 1.31 | 0.09627 |
| SISTEMA 11 | 1.45 | 0.42357 | 1.61 | 0.32840 | | |
| SISTEMA 12 | 0.0 | 0.20766 | 3.74 | 0.47102 | 7.48 | 0.32132 |

En la tabla Nº 7 se calculan, por sistema, los índices de paternidad máximo, mínimo, maxmin, medio y los del 1º, 2º y 3º cuartil. El cálculo se realiza con índices de paternidad aleatorios, en el espacio de probabilidad de las posibles madres.

Tabla5. Distintos índices de paternidad para los 12 sistemas.

| SISTEMA | S1 | S2 | S3 | S4 | S5 | S6 | S7 | S8 | S9 | S10 | S11 | S12 |
|----------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|
| MÁXIMO | 3.84 | 7.68 | 4.47 | 3.91 | 3.97 | 15.3 | 2.92 | 1.58 | 3.46 | 4.95 | 1.61 | 7.48 |
| MÍNIMO | 0.0 | 0.0 | 0.0 | 0.0 | 0.0 | 0.0 | 0.0 | 0.0 | 0.0 | 0.0 | 0.66 | 0.0 |
| MINMAX | 1.92 | 3.84 | 2.24 | 1.96 | 1.98 | 7.65 | 1.46 | 0.79 | 1.73 | 2.48 | 1.46 | 3.74 |
| MEDIO | 2.42 | 0.50 | 1.62 | 1.52 | 1.39 | 4.33 | 1.71 | 0.89 | 1.62 | 2.72 | 1.38 | 4,34 |
| 1 CUARTI | 1.92 | 0.0 | 0.0 | 0.86 | 0.0 | 0.0 | 0.0 | 0.68 | 0.0 | 2.47 | 1.31 | 3.74 |
| MEDIANO | 1.92 | 0.0 | 2.24 | 1.95 | 1.31 | 7,67 | 2.92 | 0.79 | 1.73 | 2.47 | 1.45 | 3.74 |
| 3-CUART | 3.84 | 0.0 | 2.24 | 2.38 | 1.98 | 7,67 | 2.92 | 1.46 | 1.73 | 4.95 | 1.61 | 3.74 |

El índice total se obtiene multiplicando los correspondientes índices parciales. En S3, cuatro de los siete estadísticos toman un valor de cero. Esto quiere decir que, en S3, es muy poco probable la compatibilidad entre madre, hijo y el presunto padre. El valor intermedio de 0.805 sería un valor adecuado como *IP* para este sistema.

Bibliografía

- (1). Aitken, C.G.G. (1995) "Statistics and the evaluation of evidence for forensic Scientists". John Wiley. New York.
- (2) Sánchez García M.; Sobrón Fernández, M.I.; Arroyo Pardo; E.; (2002) "Cálculo de Probabilidades de Consistencia y Paternidad en Sistemas genéticos: Estudio de dos Modelos". Rev. de la Acad. Canaria de Ciencias, XIV (Nº 1-2), Pp 35-45 (2002).
- (3) Sánchez García M.; Sobrón Fernández, M.I.; Arroyo Pardo; E.; (2005) "Cálculo de Probabilidades de Consistencia y Paternidad cuando se desconoce el genotipo de la madre.". Enviado a la Revista de Acad. Canaria de Ciencias.
- (4). Weir, B. S. (1996) "Genética Date Análisis II: Methods for discrete population in Genetic Data". Sinauer Associates, Inc. Publishers Sunderland, Massachusetts.