

PRUEBAS DE PATERNIDAD CUANDO SE DESCONOCE EL GENOTIPO DE LA MADRE

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

En la práctica tradicional de pruebas de paternidad, se suele decidir sobre la paternidad biológica de un presunto padre, en función del valor del índice de paternidad, según se explica en (1), (3) y (4). El índice de paternidad se puede relacionar con un test de hipótesis estadístico. Se supone que se miden distintos sistemas sobre el presunto padre y sobre el hijo, aunque no se puede disponer del material genético de la madre. Se desarrolla un modelo donde la posible madre es aleatoria. El objetivo es calcular, o más bien estimar, la probabilidad de paternidad, o, más bien el índice de paternidad, que es su medida asociada, por varios estadísticos; tales como el valor máximo, el mínimo, el maxmin, el valor medio, y los fractiles; en particular el primero, segundo y tercer cuartil.

Palabras clave: Pruebas de Paternidad. Test de Hipótesis. Probabilidad de Paternidad. Modelo Aleatorio, Maxmin, Fractiles.

Abstract

In parentage testing it is usually decided the biological paternity of an alleged father depending on the value of the paternity index (1), (3) y 4). This index can be related to a hypothesis statistical test. We assume the typing of the alleged father and son, while none genetical information is available from the mother. It is developed a model with a random mother. The aim is to calculate or estimate, the probability of paternity as a function of the random model or, in other words, the value of the associated parameter, i. e. paternity index, through several statistics such as maximal value, minimal value, maxmin, mean value and fractiles, specially first, second and third quartile.

Keywords: Parentage Testing, Hypothesis Test, Probability of Paternity, Random Model, Maxmin and Fractiles.

1. Introducción.

Cuando se tipa el DNA, se obtienen datos genéticos 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(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 el genotipo de la madre. Se explica como a partir de los datos genéticos se puede inferir, en ocasiones, que un presunto padre no puede ser el padre biológico.

El artículo se estructura en los siguientes apartados: Después de esta introducción, se exponen, en el epígrafe 2; los conceptos necesarios para formular los diferentes modelos. Las ideas de este apartado se han tomado de la referencia (3) ya citada. En el epígrafe 3, se formulan problemas de paternidad biológica y test de hipótesis estadísticos para decidir si un determinado presunto padre puede ser, o no, el padre biológico. En el epígrafe 4, se explican las técnicas para calcular las probabilidades y los índices de paternidad. En el epígrafe 5 se calculan índices de paternidad, por distintos métodos, para el supuesto considerado.

2. Conceptos para la formulación de los 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 $CA_j = \{A_{j1}, A_{j2}, A_{j3}, \dots, A_{jn}, \}$. El conjunto CA_j está formado por los alelos que caracterizan al sistema.

Se denota por Ω a la población de referencia; que está formada por el conjunto de personas que pueden ser tipadas. Asociada con cada sistema S_j existe una función, llamada aplicación genotípica,

$$\Psi_j : \Omega \rightarrow CA_j \times CA_j$$

La función Ψ_j asigna a cada persona $\omega \in \Omega$; los dos alelos pertenecientes al sistema S_j .

Una persona es **homozigótica**, respecto del sistema S_j , cuando sus dos alelos son iguales. Será **heterozigótica** cuando sus dos alelos son diferentes.

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.

Se representa por $P_j(A_i:A_s) = P_j(i:s)$ a la proporción, ó probabilidad, de las Unidades Experimentales de la población de referencia que, en el sistema S_j , tienen los alelos $A_i:A_s$. Por otra parte, $P_j(A_i) = P_j(i)$ será la probabilidad del alelo A_i . Si la población tuviera N personas, el conjunto total de alelos por sistema es igual a $2N$. Si el alelo A_i aparece n_i veces en el conjunto de los $2N$ alelos obtenidos de la población; entonces se verifica que: $P_j(i)=n_i/2N$.

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

$$P\{\omega/ \xi_1(\omega)=A_i \text{ y } \xi_2(\omega)=A_s\} = P\{\omega/ \xi_1(\omega)=A_i\} \cdot P\{\omega/\xi_2(\omega)=A_s\}.$$

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

En muchas ocasiones, al tipar un sistema en una persona ω , no se puede 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. Formulación del test de hipótesis y cálculo de errores.

Se admite que se pueden medir los alelos en k sistemas genéticos, denotados por $S_1, S_2, S_3, \dots, S_k$. Como se ha explicado en el epígrafe 2, se denota por $CA_j=\{A_{j1}, A_{j2}, A_{j3}, \dots, A_{jn}, \dots\}$; al conjunto de alelos que caracterizan el sistema S_j ; $j=1,2,3, \dots, k$.

3.1 Problema de paternidad biológica.

El problema de paternidad biológica se formula mediante un test de hipótesis estadístico. El test necesita de los siguiente elementos:

- *Formulación de dos hipótesis: nula y alternativa.*

H_0 : *Hipótesis nula*: El supuesto padre ω_p es el padre biológico.

H_a : *Hipótesis alternativa*: El supuesto padre no es el padre biológico.

- *Una regla que decide sobre cual de las dos hipótesis es la verdadera:*

S_0 : El test decide que la hipótesis cierta es la nula H_0 .

S_a : El test decide que la hipótesis cierta es la alternativa H_a .

Por su formulación, en todo test de hipótesis se pueden cometer dos tipos de errores:

Error del primer tipo ó de la primera clase: Es la probabilidad de que el test decida que la hipótesis cierta es la alternativa; esto es, que sea cierta H_a , cuando la hipótesis que de verdad es cierta es la nula, H_0 . Su valor es $P(S_a/H_0)$.

Error del segundo tipo ó de la segunda clase: Es la probabilidad de que el test decida que la hipótesis cierta es la nula; esto es, que sea cierta H_0 , cuando la hipótesis que de verdad es cierta es la alternativa, H_a . Su valor es $P(S_0/H_a)$.

Para calcular las probabilidades de error se suponen conocidos los alelos del hijo AH para los k sistemas. En este supuesto, sean estos alelos:

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

donde en el sistema S_s , h indica hijo, s indica el sistema S_s e i_{s1}, i_{s2} representan los subíndices de los alelos 1 y 2 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 y de la madre. Se hará referencia a (3) cuando se utilicen estas fórmulas.

Se denota por $COMP_j$ al conjunto de madres compatibles, o posibles, con el genotipo del hijo en el sistema S_j . Debido a la independencia de los k sistemas, las probabilidades de consistencia y paternidad se calculan como el producto de las probabilidades de consistencia PC y de paternidad PP para cada sistema; esto es:

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

y

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

Cuando se puede tipar al presunto padre, el test de hipótesis se construye partiendo Ω en Ω_{10} y Ω_{1a} y decidiendo S_0 cuando $\omega \in \Omega_{10}$ y S_a si $\omega \in \Omega_{1a}$.

En el test propuesto, llamando $AP(\omega)$ a las bandas alélicas de ω para los k sistemas; es: $\Omega_{10} = \{AM \in COM; \omega \in \Omega \mid AP(\omega) \text{ es consistente con } AM \text{ y } AH\}$. Con este test se verifica que $P(S_a/H_0) = P(\Omega_{1a}/H_0) = 0$ y $P(S_0/H_0) = P(\Omega_{10}/H_0) = 1$. Como consecuencia, con este test, el error del primer tipo es cero.

El error del segundo tipo depende del espacio de probabilidad Ω , del conjunto de madres compatibles y del número de sistemas analizados. En el supuesto de medir k

sistemas, obteniendo como medidas AP= (AP₁, AP₂, AP₃,....., AP_j,.....,AP_k), se tiene el resultado:

$$\Omega_{10} = \bigcap_{j=1}^k \{AM \in COMP; \omega \in \Omega/AP_j(\omega) \text{ es consistente con } AM_j \text{ y } AH_j\}$$

y, por tanto:

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

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

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

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

El error para 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:

$$\begin{aligned} & \sum_{\omega \in \Omega} \prod_{j=1}^k \sum_{AM_j \in COMP_j} PC_j(\omega/AM_j; AH_j) P(AM_j) P(\omega) =. \\ & \sum_{AP \in BA} \prod_{j=1}^k \sum_{AM_j \in COMP_j} PC_j(AP_j/AM_j; AH_j) \sum_{\omega \in AP_j} P(\omega) =. \\ & \sum_{AP \in BA} \prod_{j=1}^k \sum_{AM_j \in COMP_j} PC_j(AP_j/AM_j; AH_j) P(AM_j) P(AP_j). \end{aligned}$$

El cálculo de probabilidades de consistencia y paternidad se toman de la referencia (3)

4. Cálculo de probabilidades en cada tipo de sistema

Para clasificar las posibles madres compatibles con el material genético observado sobre el hijo, se clasifican los sistemas en dos clases.

- CLASE N^o 1 . El genotipo del hijo es homocigótico A_i;A_i. Si el sistema tiene k alelos; los genotipos de las posibles madres compatibles con el hijo son:

$$PM = \{(A_1, A_i), \dots, (A_{i-1}, A_i); (A_i, A_i); (A_i, A_{i+1}), \dots, (A_i, A_k)\}$$

Según (3) el índice de paternidad y la probabilidad de paternidad es:

$$IP(S/(A_i, A_q)) = 0.5/P(A_i); PP(S/(A_i, A_q)) = 0.5; IC(S) = 1/P(A_i) \cdot (2 - P(A_i))$$

cuando el presunto padre es heterocigótico y su genotipo es (A_i, A_i) con i ≠ t; y

$$IP(S/(A_i, A_q))=1/P(A_i); PP(S/(A_i, A_q))=1; IC(S)= 1/P(A_i).(2-P(A_i))$$

cuando el presunto padre tiene por genotipo (A_i, A_i) ; y vale cero en otro supuesto.

- CLASE N° 2 . El genotipo del hijo es heterocigótico $A_i:A_j$, con $i \neq j$. Si el sistema tiene k alelos; los genotipos de las posibles madres son:

$$PM=\{(A_1, A_i), \dots, (A_{i-1}, A_i); (A_i, A_i); (A_i, A_{i+1}), \dots; (A_i, A_k); (A_1, A_j), \dots, (A_{j-1}, A_j); (A_j, A_j); (A_j, A_{j+1}), \dots; (A_j, A_k)\}$$

Para calcular los índices y probabilidades de paternidad en este supuesto, se clasifican a su vez los sistemas en dos clases:

- (C1) El genotipo de la madre aleatoria es $A_i:A_j$.

Si el padre es $A_j:A_j$, los índices de paternidad IP y de consistencia IC son:

$$IP(S/(MA_i:MA_j), (PA_i:PA_j))=0.5/0.5(P(A_i)+P(A_j))=1/(P(A_i)+P(A_j)).$$

Llamando P_{ij} , a $P_{ij}=P(A_i).(1-0.5.P(A_i))+ P(A_j).(1-0.5.P(A_j))-P(A_i).P(A_j)$; se tiene:

$$IC(S)=1/P_{ij}.$$

Si el genotipo del padre es $A_i:A_i$; los índices de paternidad IP y de consistencia IC son:

$$IP(S/(MA_i:MA_j), (PA_i:PA_i))=0.5/P(A_i); IC(S)= 1/P_{ij}$$

Si el genotipo del padre es $A_j:A_j$; entonces el índice de paternidad es:

$$IP(S/(MA_i:MA_j), (PA_j:PA_j))= 0.5/P(A_j); IC(S)= 1/P_{ij}$$

Si el genotipo del padre es $A_i: A_q$; con $j \neq q \neq i$, el índice de paternidad es:

$$IP(S/(MA_i:MA_j), (PA_i:PA_q))= 0.25/P(A_i); IC(S)= 1/P_{ij}$$

Si el padre es $A_q:A_j$; con $i \neq q \neq j$, entonces el índice de paternidad es:
 $IP(S/(MA_i:MA_j), (PA_q:PA_j))=0.25/P(A_j); IC(S)= 1/P_{ij}$

Si el genotipo del padre es $A_s:A_q$; $i \neq s \neq j \neq q \neq i$ entonces el índice de paternidad es cero.

- (C2) El genotipo de la madre aleatoria es $A_i:A_q$; con $j \neq q \neq i$ o $A_q:A_j$ con $i \neq q \neq j$. Se calculan los índices de paternidad para el primer caso. Para el segundo supuesto los cálculos se realizan de forma similar.

Si el genotipo del padre es $A_i:A_i$; entonces el índice de paternidad es:

$$IP(S/(MA_i:MA_q), (PA_j:PA_j))=1/P(A_j); IC(S)=1/P(A_j)$$

Si el genotipo del padre es $A_j:A_q$; con $j \neq q \neq i$, el índice de paternidad es:

$$IP(S/(MA_i:MA_j), (PA_j:PA_q))= 0.5/P(A_j), IC(S)=1/P(A_j)$$

En muchos casos, sobre todo en genética forense, se utiliza para decidir S_0 o S_a ; el cociente aleatorio entre $PC(AP\Omega_0)/AM, AH$. y $PC(AP\Omega)/AM, AH$. Se denomina entonces *índice de consistencia aleatorio*, que se denota por ICA; a:

$$ICA = (PC(AP\Omega_0)/AM, AH) / (PC(AP\Omega)/AM, AH)$$

De igual forma se llama *índice de paternidad aleatorio*, que se denota por IPA, a:

$$IPA = (PP(AP\Omega_0)/AM, AH) / (PP(AP\Omega)/AM, AH)$$

Los ICA e IPA son variables aleatorias en el espacio de probabilidad de las madres compatibles. Con estas variables se pueden calcular el valor máximo, el valor mínimo, la media, la varianza y distintos fractiles; así como intervalos de confianza, que serían estimadores del índice de paternidad. En el ejemplo se calculan los índices de paternidad máximo, mínimo, maxmin, medio, primer segundo y tercer cuartil

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 en un supuesto práctico.

5. Cálculo práctico

Se estudian 8 sistemas; que tienen, respectivamente: 6, 7, 7, 7, 7, 6 7 y 7 alelos. Las siete tablas de datos son auto explicativas.

TABLA N° 2. PROBABILIDADES DE LOS ALELOS DE LOS 8 SISTEMAS.

	AL1	AL2	AL3	AL4	AL5	AL6	AL7
SIS1	.0010	.5207	.1074	.0651	.2686	.0372	
SIS2	.2235	.1628	.1445	.1888	.2736	.0058	.0010
SIS3	.0251	.1279	.0251	.2922	.3105	.1918	.0274
SIS4	.1587	.0522	.0652	.2912	.2783	.1174	.0370
SIS5	.0076	.0013	.3159	.3683	.2455	.0563	.0051
SIS6	.0993	.0073	.2684	.2022	.4191	.0037	
SIS7	.0025	.0330	.3807	.3096	.2208	.0508	.0026
SIS8	.0347	.1485	.2475	.2673	.1337	.1634	.0500

Las probabilidades previas son estimaciones obtenidas por técnicas de metaanálisis de varias Bases de datos.

TABLA N° 1. Alelos del hijo y del presunto padre para los 8 SISTEMAS.

	S1	S2	S3	S4	S5	S6	S7	S8
PrePadre.AL1	1	2	4	2	3	5	1	3
PrePadre.AL2	3	3	5	4	5	5	5	4
HIJO.AL1	3	3	1	2	3	3	1	3
HIJO.AL2	3	4	5	4	5	5	5	4

TABLA N° 3. GENOTIPOS DE LAS POSIBLES MADRES

S1	1:3	2:3	3:3	3:4	3:5	3:6								
S2	1:3	2:3	3:3	3:4	3:5	3:6	3:7	1:4	2:4	3:4	4:4	4:5	4:6	4:7
S3	1:1	1:2	1:3	1:4	1:5	1:6	1:7	1:5	2:5	3:5	4:5	5:5	5:6	5:7
S4	1:2	2:2	2:3	2:4	2:5	2:6	2:7	1:4	2:4	3:4	4:4	4:5	4:6	4:7
S5	1:3	2:3	3:3	3:4	3:5	3:6	3:7	1:5	2:5	3:5	4:5	5:5	5:6	5:7
S6	1:3	2:3	3:3	3:4	3:5	3:6	1:5	2:5	3:5	4:5	5:5	5:6		
S7	1:1	1:2	1:3	1:4	1:5	1:6	1:7	1:5	2:5	3:5	4:5	5:5	5:6	5:7
S8	1:3	2:3	3:3	3:4	3:5	3:6	3:7	1:4	2:4	3:4	4:4	4:5	4:6	4:7

TABLA N° 4 INDICES DE PATERNIDAD PARA LAS POSIBLES MADRES

S1	4.655	4.655	4.655	4.655	4.655	4.655	
S2	0	0	0	1.73	0	0	0
S2	3.46	3.46	1.73	3.46	3.46	3.46	3.46
S3	1.61	1.61	1.61	1.61	0.81	1.61	1.61
S3	0.81	0.0	0	0.0	0	0.0	0
S4	1.72	1.72	1.72	2.91	1.72	1.72	1.72
S4	9.58	2.91	9.58	9.58	9.58	9.58	9.58
S5	2.04	2.04	2.04	2.04	1.78	2.04	2.04
S5	1.58	1.58	1.78	1.58	1.58	1.58	1.58
S6	1.19	1.19	1.19	1.19	0.60	1.19	0
S6	0	0.6	0	0	0		
S7	2.26	2.26	2.26	2.26	4.48	2.26	2.26
S7	4.48	200	200	200	200	200	200
S8	1.87	1.87	1.87	1.87	1.94	1.87	1.87
S8	2.02	2.02	1.94	2.02	2.02	2.02	2.02

TABLA N° 6. VALORES Y PROBABILIDADES DE LOS ÍP.

S1	V1=4.66	P1=1				
S2	V1=0	P1=0.3844	V2=1.73	P2=0.0982	V3=3.46	P3=0.5174
S3	V1=0	P1=0.9113	V2=0.81	P2=0.0279	V3=1.62	P3=0.0608
S4	V1=1.72	P1=0.1253	V2=2.91	P2=0.0534	V3=9.58	P3=0.8213
S5	V1=1.58	P1=0.3413	V2=1.78	P2=0.1921	V3=2.04	P3=0.4666
S6	V1=0	P1=0.4849	V2=1.19	P2=0.2494	V3=2.39	P3=0.2657
S7	V1=2.26	P1=0.0098	V2=4.48	P2=0.0028	V3=200	P3=0.9874
S8	V1=1.87	P1=0.3991	V2=1.94	P2=0.1632	V3=2.02	P3=0.4377

TABLA N° 5 PROBABILIDADES CONDICIONALES DE LAS MADRES.

S1	.0011	.5502	.0568	.0688	.2838	.0393			P(T)	.1074
S2	.1163	.0847	.0376	.0491	.1423	.0030	.0005	.1519	P(T)	.3333
S2	.1107	.0491	.0642	.0186	.0039	.0007			P(T)	.3333
S3	.0011	.0115	.0023	.0263	.0139	.0172	.0025	.0139	P(T)	.3356
S3	.1422	.0279	.3249	.1726	.2132	.0305			P(T)	.3356
S4	.0291	.0048	.012	.0267	.0511	.0216	.0068	.1625	P(T)	.3434
S4	.0267	.0668	.1491	.2849	.1202	.0379			P(T)	.3434
S5	.006	.001	.1236	.2881	.0960	.0440	.004	.0046	P(T)	.5614
S5	.0008	.0960	.2239	.0746	.0342	.0031			P(T)	.5614
S6	.0591	.0043	.0798	.1203	.1247	.0022	.0922	.0068	P(T)	.6875
S6	.1247	.1878	.1947	.0034					P(T)	.6875
S7	.0001	.0004	.0048	.0039	.0014	.0006	.0001	.0014	P(T)	.2233
S7	.0367	.4237	.3446	.1229	.0565	.0029			P(T)	.2233
S8	.0212	.0906	.0755	.0816	.0816	.0997	.0305	.0229	P(T)	.5148
S8	.0979	.0816	.0881	.0881	.1077	.033			P(T)	.5148

En la tabla N° 7 se calculan, por sistema, los índices de paternidad máximo, mínimo, maxmin, medio y los del 1°, 2° y 3° cuartil. El cálculo se realiza con índices de paternidad aleatorios, en el espacio de probabilidad de las posibles madres.

TABLA 7. DISTINTOS INDICES DE PATERNIDAD PARA LOS 8 SISTEMAS.

SISTEMAS	S1	S2	S3	S4	S5	S6	S7	S8
MÁXIMO	4.655	3.46	1.61	9.58	2.04	2.386	200	2.02
MÍNIMO	4.655	0	0	1.72	1.58	0	2.26	1.87
MINMAX	4.655	1.73	0.81	5.65	1.79	1.193	101.13	1.945
MEDIO	4.655	1.96	0.121	8.22	1.834	0.936	197.5	1.947
1 CUARTIL	4.655	0	0	9.58	1.58	0	200	1.87
MEDIANO	4.655	3.46	0	9.58	1.78	1.193	200	1.94
3-CUARTIL	4.655	3.46	0	9.58	2.04	2.386	200	2.02

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). Balding, D. J. And R. A. Nichols. (1994) "DNA profile match frequencies calculations: how to allow for population stratification, relatedness, database selection and single bands". Forensic. Sci. Int. 64:125-140.
- (3) 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), 35-45 (2002).
- (4). Weir, B. S. (1996) " Genética Date Análisis II: Métodos for discrete Population in Genética Data" . Sinauer Associates, Inc. Publishers Sunderland.