Rev.Acad.Canar.Cienc., XI (Núms. 1-2), 9-22 (1999)

CÁLCULO DE PROBABILIDADES EN CASOS DE AGRESIÓN MÚLTIPLE.

Sánchez M.
Departamento de Estadística. Facultad de Medicina. Universidad Complutense.
28040-Madrid.

Ruiz de la Cuesta J. M., Bandrés F., Arroyo-Pardo E.
Departamento de Medicina Legal. Facultad de Medicina. Universidad Complutense.
28040-Madrid.

Correspondencia a:
E. Arroyo-Pardo
Departamento de Medicina Legal
Facultad de Medicina. Universidad Complutense.
28040-Madrid.
Tlf.: 91-3941576, Fax: 91-3941606
E-mail: eduardoa @eucmax.sim.ucm.es

El presente trabajo ha sido parcialmente financiado con el proyecto multidisciplinar de la Universidad Complutese PR182/96 nº 6745.

Abstract:
An offence has been made by more than one person. In order to know the possible amount of alleged offenders, a genetic profile analysis of the available forensic evidence has been carried out to study STR systems. In this paper we show an algorithm to calculate the probability of the genetic profile of n random persons of the general population to match that of the evidence found in the crime scenario. The work ends with the probabilities of some determinate cases.

Resúmen:
Un hecho delictivo ha sido cometido por más de una persona. Para esclarecer el número de posibles presuntos delincuentes, se determina el perfil genético de la evidencia forense encontrada en el lugar del delito, mediante el estudio de marcadores del tipo STR. En el presente artículo se desarrolla un algoritmo para calcular la probabilidad de que n personas elegidas aleatoriamente de la población de referencia, contengan un perfil genético compatible con el hallado en el lugar del delito. Se finaliza analizando las probabilidades de dicho suceso en varios casos particulares.

Key words:
STR, Allele, Inclusion-exclusion principle, Binary developments, Probability.

Palabras clave:
STR, Alelo, Principio de Inclusión-Exclusión, Desarrollos Binarios, Probabilidad.

AMS Classification: 60C05

1. Introducción:

Se supone que en un determinado lugar se ha cometido un hecho delictivo. Muchos de estos actos (violaciones asesinatos, atracos, robos, etc) son cometidos por más de una persona. En algunos casos, la propia víctima o bien testigos oculares, saben determinar con exactitud el número de personas que participaron en el acto citado; aunque en muchos otros, no se dispone de información fiable como para determinar con exactitud dicho número.

En este segundo supuesto, la información suministrada por el perfil genético hallado en el lugar donde se cometió el hecho delictivo, puede aportar luz sobre la determinación del número exacto de malhechores.

Para el estudio del perfil genético se estudia la sucesión de las bases nitrogenadas que componen el ADN (secuencia) en ciertos lugares físicos o "locus" de aquél. Cada uno de estos lugares físicos de interés se conoce como "sistema genético", y por presentar cada uno de ellos diferentes posibilidades decimos que son "polimórficos". Las secuencias de ADN constan de 4 bases nitrogenadas que se repiten en un determinado orden; las bases son Adenina, Timina, Guanina y Citosina, simbolizadas con A, T, G y C respectivamente. Los sistemas genéticos que vamos a emplear se denominan "STR" (Short Tandem Repeat) y se componen de otras secuencias más pequeñas que se repiten en tandem. A cada una de las posibilidades del sistema se les denomina "alelo". Así, un cierto motivo de bases nitrogenadas, como por ejemplo "ACCT", puede repetirse un número de veces N_1 (alelo N_1) en la herencia paterna y N_2 (alelo N_2) en la herencia materna de un cierto individuo; de este modo, el perfíl genético de un individuo para un sistema K de STR será N_1-N_2. Cada uno de estos alelos se encuentran con una probabilidad en la población que se considera; dicha probabilidad se determina experimentalmente.

En el presente artículo se analiza, en primer lugar, el supuesto de observar un único sistema STR situado en un cierto locus. Así mismo, se supone que en el lugar de los hechos se ha encontrado material genético de dos tipos T1 y T2. El material genético del tipo T1 no pertenece a la víctima o víctimas del hecho delictivo y será denotado por:

$$B = \{A_1, A_2, \ldots A_q\}$$

El material genético del tipo T2 pertenece a la víctima, o víctimas, del hecho delictivo y se denota por:

$$H = \{A_{q+1}, \ldots A_k\}$$

siendo cada uno de los A_j un alelo del citado STR.

Como se verá después, el número mínimo de presuntos criminales depende del número de elementos del conjunto B. En el segundo supuesto, se generalizarán los resultados al caso de que se disponga de observaciones sobre dos o más STRs.

El origen de este artículo fue un problema propuesto por el Dr. Ruiz de la Cuesta del Departamento de Toxicología y Legislación Sanitaria de la UCM, sobre la determinación del número de participantes en un acto de violación.

El artículo se estructura en seis apartados, el primero de los cuales es esta introducción. En el segundo apartado se plantea el problema con precisión, describiendo los elementos esenciales para proceder a su resolución.

En el tercero, se calcula, teóricamente, la probabilidad de que n personas elegidas aleatoriamente de la población de referencia, contengan un perfil genético compatible con el encontrado en el lugar de los hechos. En el cuarto apartado, se describe un algoritmo para el cálculo rápido de las citadas probabilidades. En el quinto epígrafe se generalizan los resultados al supuesto de disponer de información sobre dos o más STRs. Finalmente, en el sexto se calculan las probabilidades en varios supuestos particulares, analizando y comentando los resultados obtenidos.

2. Descripción y planteamiento del problema:

Se supone que se ha cometido un hecho delictivo sobre una o más personas (o cosas) que se denotarán con el nombre genérico de "víctima". Para extraer más información sobre este suceso, se analiza el perfil genético encontrado en el lugar del hecho delictivo, correspondiente a un cierto STR. Como se dijo en la introducción, se denotará por H el material genético perteneciente a la víctima hallado en el lugar del delito; y por B, el material genético encontrado que no pertenece a la víctima, tal y como se dijo en el apartado 1.

Evidentemente, cuando la víctima son cosas, el conjunto H es el conjunto vacío, ya que las cosas carecen de material genético.

Si $q = 2s$ es claro que el número de presuntos culpables es al menos s; mientras que si $q=2s+1$, dicho número es al menos $s+1$, debido a que cada presunto culpable puede aportar, como máximo, dos alelos. En todo caso, se denotará por s^* el número mínimo de presuntos culpables. El número verdadero de culpables es desconocido. Si m es este número, es claro que $m \geq s^*$.

El problema que se propone consiste en calcular la probabilidad de que n personas, elegidas aleatoriamente de la población de referencia, tengan un perfil genético compatible con el encontrado en el lugar del delito.

Las n personas elegidas aportan un conjunto de 2n bandas alélicas, que se denotarán por:

$$D_n = \{D_1, D_2, \ldots D_n, D_{n+1}, \ldots D_{2n}\}$$

ya que cada presunto delincuente aporta dos de estas bandas. Puesto que las bandas alélicas se pueden repetir, incluso dentro de una misma persona, parece evidente que en la lista D_n existirán algunas bandas alélicas repetidas.

Para que D_n sea compatible con la información genética almacenada en H y B, se deben cumplir las dos condiciones siguientes:

C1) Cualquiera que sea $D_j \in D_n$, $D_j \in B \cup H = \{A_1, A_2, \ldots A_q, A_{q+1}, \ldots A_k\}$.

Es claro que si $D_j \notin D_n$ entonces la persona que ha aportado esta banda alélica D_j a D_n, no ha estado en el lugar del delito, y por tanto deja de ser presunto culpable.

C2) Para todo $A_i \in B = \{A_1, A_2, \ldots A_q\}$, existe un $D_j \in D_n$ tal que $A_i = D_j$.

Si existiera un $A_i \in B$, tal que $A_i \notin D_n$; entonces alguna persona fuera de las n, debería haber aportado la banda alélica A_i. Como consecuencia, debe existir al menos otra persona que aportase perfil genético al lugar del delito.

Las condiciones C1 y C2 se resumen en la siguiente sentencia:

Cada banda alélica $D_j \in D_n$ se debe elegir del conjunto $B \cup H = \{A_1, A_2, \ldots A_q, A_{q+1}, \ldots A_k\}$. Además, cada $A_j \in B$ debe ser tal que $A_j \in D_n$.

Se denotará por $V_n = \{D_n / D_n$ satisface las condiciones C1 y C2$\}$.

Para resolver el problema se supone que se conocen las probabilidades de las bandas alélicas $\{A_i\}_{1 \leq i \leq k}$, en la población de referencia.

3. Método teórico para el cálculo de probabilidades:

El objetivo de este epígrafe consiste en exponer los fundamentos teóricos del cálculo de probabilidades de los sucesos V_n. Puesto que los sucesos $\{V_n\}_{n\in N}$ no son incompatibles, se verifica la desigualdad siguiente:

$$P\left(\bigcup_{n=1}^{\infty} V_n\right) < \sum_{n-1}^{\infty} P(V_n)$$

Por tanto, $\sum_{n-1}^{\infty} P(V_n)$ puede ser menor, igual o mayor que 1.

Se calculan las probabilidades de cada V_n, bajo dos supuestos:

S1) Las bandas alélicas de los presuntos culpables no coinciden con las bandas alélicas de la víctima; esto es, cada $D_j \in D_n \in V_n$ es tal que $D_j \in B$. Este supuesto tiene lugar cuando se conoce a priori que ninguno de los culpables tiene bandas alélicas que pertenezcan a H, las bandas alélicas de la víctima.

S2) Caso general: las bandas alélicas de los presuntos culpables pueden coincidir o no con las bandas alélicas de la víctima.

El cálculo de probabilidades es similar en ambos supuestos.

3.1 Cálculo de probabilidades en el primer supuesto:

Según se explicó previamente, para que en este supuesto el conjunto de bandas alélicas pertenecientes a los n presuntos culpables

$$Dn = \{D_1, D_2, \dots D_n, D_{n+1}, \dots D_{2n}\}$$

sea compatibles con la información observada en la escena del crimen, se deben verificar C'1 y C2.

C'1) Cualquiera que sea $D_j \in D_n$, $D_j \in B = \{A_1, A_2, \dots A_q\}$.

Para facilitar el cálculo de probabilidades de V_n se debe tener en cuenta que cada banda alélica de cada $D_n \in V_n$ debe ser un elemento de B; con la condición adicional de que en las 2n bandas alélicas de D_n, no falte ningún elemento de B. Teniendo en cuenta esta información y llamando $S_j' = B - \{A_j\}$, para j= 1, 2, ... q se verifica:

$$V_n = B^{2n} - \{S_1'^{2n} \cup S_2'^{2n} \ldots \cup S_q'^{2n}\}$$

donde la potencia 2n significa el producto cartesiano del correspondiente conjunto, por si mismo, 2n veces; esto es:

$$S_j'^{2n} = S_j \times S_j \times S_j \ldots \times S_j \text{ ; 2n veces}$$

por tanto, la probabilidad de V_n, $P(V_n)$, se calcula aplicando el principio de inclusión-exclusión (1) que construye la fórmula:

$$P(V_n) = P(B^{2n} - \bigcup_{j=1}^{q} S_j'^{2n}) = P(B^{2n}) - P(\bigcup_{j=1}^{q} S_j'^{2n}) =$$

$$= P(B^{2n}) - \sum_{j=1}^{q} P(S_j'^{2n}) + \sum_{1 \le i < j \le q} P(S_i'^{2n} \cap S_j'^{2n}) + \sum_{1 \le i < j < r \le q} P(S_i'^{2n} \cap S_j'^{2n} \cap S_r'^{2n}) + \qquad \textbf{S3-1)}$$

$$+ \ldots + (-1)^q P(S_1'^{2n} \cap S_2'^{2n} \cap \ldots \cap S_j'^{2n} \cap \ldots S_q'^{2n})$$

<u>*3.2 Cálculo de probabilidades del segundo supuesto:*</u>

En este supuesto, el cálculo de probabilidades es similar al caso anterior. Solo basta sustituir B por $B_T = B \cup H = \{A_1, A_2, \ldots A_q, A_{q+1}, \ldots A_k\}$ y cada S_j' por S_j donde $S_j = S_j' \cup \{A_{q+1}, \ldots A_k\}$, La fórmula para el cálculo de probabilidades es:

$$P(V_n) = P(B_T^{2n} - \bigcup_{j=1}^{q} S_j^{2n}) = P(B_T^{2n}) - P(\bigcup_{j=1}^{q} S_j^{2n}) =$$

$$= P(B_T^{2n}) - \sum_{j=1}^{k} P(S_j^{2n}) + \sum_{1 \le i < j \le q} P(S_i^{2n} \cap S_j^{2n}) - \sum_{1 \le i < j < p \le q} P(S_i^{2n} \cap S_j^{2n} \cap S_p^{2n}) + \qquad \textbf{S3-2)}$$

$$.+ \ldots + (-1)^{q-1} \sum_{j=1}^{q} P(S_1^{2n} \cap S_2^{2n} \cap \ldots \cap \bar{S}_j^{2n} \cap \ldots \cap S_q^{2n}) + (-1)^q P(S_1^{2n} \cap S_2^{2n} \cap \ldots \cap S_j^{2n} \cap \ldots \cap S_q^{2n})$$

siendo $S_1^{2n} \cap S_2^{2n} \cap \ldots \cap \bar{S}_j^{2n} \cap \ldots S_q^{2n} = \{A_j, A_{q+1}, A_{q+2}, \ldots A_k\}^{2n}$.

En el siguiente epígrafe se describe un algoritmo destinado al cálculo rápido de las probabilidades $\{P(V_n)\}_{n \in N}$. El algoritmo utiliza un procedimiento iterativo.

4. Algoritmo para el cálculo de probabilidades de los sucesos D_n:

Sean p_1, p_2, ... p_q las probabilidades respectivas de A_1, A_2 ... A_q en la población de referencia; esto es p_j=P(A_j) para j= 1, 2, ... q; y P_v = P(H) = P(A_{q+1}, ... A_k) la probabilidad de las bandas alélicas pertenecientes a la víctima.

Para facilitar el cálculo de probabilidades mediante las fórmulas S3-1 y S3-2 se deben aplicar las propiedades siguientes:

P1) $P(B^{2n}) = [P(B)]^{2n}$ ó $P(B_T^{2n}) = [P(B_T)]^{2n}$

P2) $P(S_{i1}^{2n} \cap S_{i2}^{2n} \cap \ldots S_{ir}^{2n}) = [\,P(S_{i1} \cap S_{i2} \cap \ldots S_{ir})]^{2n}$

que se obtienen como consecuencia de aplicar las reglas de la probabilidad producto.

Como ya se vió, la única diferencia entre las fórmulas S3-1 y S3-2 es la sustitución de B = {A_1, A_2, ... A_q} por B U H = {A_1, A_2, ... A_q, A_{q+1}, ... A_k} y de S_j' = B - {A_j} por S = B U H - {A_j} para j = 1, 2, ... q. Este hecho nos permite desarrollar el algoritmo para uno solo de los dos casos.

Teniendo en cuenta las propiedades P1) y P2), el cálculo de probabilidad de los sucesos V_n se realiza en dos etapas: durante la primera se calculan las probabilidades de los sucesos $S_{i1,\, i2,\ldots\, ir} = S_{i1} \cap S_{i2} \cap \ldots S_{ir} = B_T - \{A_{i1}, A_{i2}, \ldots A_{ir}\}$ y durante la segunda, se calculan iterativamente las probabilidades de los sucesos V_n.

Para facilitar el diseño del algoritmo, se identifica cada conjunto $S_{i1,\, i2,\ldots\, ir}$ con el número binario de q cifras, que tiene unos en las posiciones i_1, i_2,... i_r y tiene ceros en las restantes posiciones.

Por tanto, cada suceso $S_{i1,\, i2,\ldots\, ir}$ se corresponde biunívocamente con un número de q cifras, expresado en binario. El primer algoritmo que se desarrolla calcula las probabilidades de todos los sucesos $S_{i1,\, i2,\ldots\, ir}$.

Para el desarrollo del algoritmo se comienza haciendo corresponder al número 0, expresado por q ceros, el suceso B_T y calculando la probabilidad de este suceso. A partir del cero, se generan todos los números binarios de q cifras mediante sumas sucesivas de la unidad, con lo que se facilita el cálculo de las probabilidades de los sucesos $S_{i1,\, i2,\ldots\, ir}$ asociados con dichos números binarios. A continuación se exponen los dos algoritmos.

4.1 Algoritmo para cálcular las probabilidades de los sucesos $S_{i1, i2,... ir}$:

A1) Datos Iniciales. Poner $P(q+1) = P_v = P\{A_{q+1}, \ldots A_k\} = P\{H\}$, $P(1) = P(A_1)$, $P(2) = P(A_2)$, ... $P(q) = P(A_q)$; donde $P(A_j)$ es la probabilidad del alelo A_j en la población de referencia.

Para i =1 hasta q, poner B(i) = 0.

Colocar $D(1) = \sum_{j=1}^{q+1} P(j)$ y $QP = 2^q$.

COMENTARIO: En D(1) se almacena la probabilidad de B U H. En el ciclo A, para cada valor de i, que varía desde 2 hasta QP, se genera en el ciclo B un número binario que se almacena en el vector $\{B(J)\}$ J = 1, 2,... q. Cuando el ciclo sale por D se almacena en D(i), la probabilidad del suceso $S_{i1, i2,... ir}$ asociado con el número binario almacenado en la matriz B(J). Cuando el algoritmo acaba en FIN A, las probabilidades de todos los sucesos $S_{i1, i2,... ir}$ se han almacenado en la matriz D. En D(i) se almacena la probabilidad del suceso que está en correspondencia biunívoca con el número binario i-1.

A) Para I =1 hasta QP -1.

B) Para J=1 hasta q.

Si B(J) = 0 poner B(J) = 1 e ir a D, en otro caso poner B(J) = 0 y continuar.

FIN B

D) $D(I) = D(1) - \sum_{J=1}^{q} B(J)P(J)$

FIN A □

El segundo algoritmo calcula la probabilidad de las sucesivas potencias cartesianas de los sucesos $S_{i1, i2,... ir}$, para con ellas evaluar las probabilidades de los sucesos V_n; esto es, $P(V_n)$. Antes de proceder a su desarrollo, se exponen algunos comentarios.

4.2 Comentarios al algoritmo segundo:

El entero q representa el número de alelos no pertenecientes a la víctima.

NVIO es el número máximo de presuntos criminales o delincuentes. Las probabilidades de los sucesos V_n se calculan para n variando desde 1 hasta NVIO.

En D(J) se almacena la probabilidad del suceso asociado con el número binario J-1.

En DQ(J,I) se almacena $D(I)^{**}2J = (D(I))^{2J}$.

En $(B(I_1))$ $I_1 = 1,\ldots q$, se almacenan los desarrollos de los números binarios que van desde 0 hasta 2^q-1.

En cada ciclo, en NCUEN se almacena el número de unos que tiene el número binario almacenado en $\{B(J)\}$ J= 1, 2, ... q.

Finalmente en P(J), se almacena la probabilidad del suceso V_J; esto es $P(J) = P(V_J)$.

4.3 Algoritmo para el cálculo de probabilidades de los sucesos V_n.

Datos de entrada: q, QP = 2^q, NVIO, $\{D(J), J = 1, 2, \ldots QP\}$.

COMENTARIO: En la matriz DQ(J,I) se almacenan las probabilidades de los sucesos $(S_{i1,\ i2,\ldots\ ir})^{2J}$ donde el suceso $S_{i1,\ i2,\ldots\ ir}$ está en correspondencia biunívoca con el número I-1 expresado en binario.

A) Para I =1 hasta QP, colocar DQ(1,I) = D(I)∗D(I).

FIN A

A1) Para J=1 hasta NVIO

IF J = 1 GOTO B10 (ir a B10)

A2) Para I = 1 hasta QP poner

DQ(J,I) = DQ(J-1, I)∗DQ(1,I)

FIN A2

B10) Para I =1 hasta q, poner B(I)=0.

Colocar P(J)=D(J, 1).

COMENTARIO: Para cada valor de I, I variando desde 2 hasta NQ, en el ciclo A5, se almacena en la matriz B(J), $q \geq J \geq 1$, el número I -1 expresado mediante q cifras binarias.

En NCUEN se almacena el número de cifras iguales a 1 que tiene el número I-1 expresado en binario. NCUEN se utiliza para determinar el signo en la adición de probabilidades.

A4) Para I = 2 hasta QP

A5) Para I1= 1 hasta q.

Si B(I1)=0 poner B(I1)=1 e ir a D1; en otro caso, poner B(I1)=0 y continuar.

FIN A5

D1) NCUEN = 0

A3) Para I1=1 hasta q

Si B(I1) = 1 poner NCUEN = NCUEN+1, en otro caso continuar.

FIN A3

P(J) = P(J) + ((-1)**NCUEN)*DP(J, I)

FIN A4

PRINT J, P(J)

FIN A1

4.4 Análisis de evidencias en algunos casos prácticos:

Se denota por Ω_1 el suceso "pertenecer a la población de referencia". La información genética hallada en la escena del delito, reduce Ω_1 a S_1, siendo $S_1 = = \bigcup_{n=1}^{\infty} V_n$. Por tanto la evidencia aportada por la información genética disponible, se mide por la fórmula:

$$E = \frac{P(\Omega_1)}{P(S_1)} = \frac{P(\Omega_1)}{P(V_1) + \sum_{n=2}^{\infty} P((\bigcup_{j=1}^{n-1} V_j)^c \cap V_n)} = \frac{1}{P(D_1) + \sum_{n=2}^{\infty} P((\bigcup_{j=1}^{n-1} V_j)^c \cap V_n)}$$

La evidencia aportada por el suceso V_n es:

$$E = \frac{1}{P(V_n)}$$

Se pueden calcular evidencias entre distintos números de presuntos violadores por las fórmulas:

$$E(m:n) = \frac{P(V_m)}{P(V_n)}$$

que determina el cociente probabilístico entre m y n presuntos delincuentes.

5. Análisis para el caso de medir más de una banda alélica de T:

Supuesto que hay independencia aleatoria entre las distintas bandas STR, el problema se reduce a calcular por separado las probabilidades de los sucesos $\{V_n^r\}_{m \geq r \geq 1}$; siendo V_n^r el suceso correspondiente a que n presuntos criminales sean compatibles con la información genética proporcionada por la banda r-ésima. La probabilidad total de n presuntos delincuentes, en las m bandas se calcula por la fórmula:

$$P_m(n) = \prod_{r=1}^{m} P(V_n^r)$$

Por tanto, el problema de bandas múltiples no añade complejidad al cálculo de probabilidades de n presuntos delincuentes.

6. Cálculo de probabilidades en algunos casos prácticos:

El cálculo de probabilidades de los sucesos V_n se ha realizado para un número de individuos que varía desde 1 hasta 15 posibles presuntos culpables. Las probabilidades se exponen en las tablas I y II. Ambas tablas son similares; la única diferencia esencial consiste en que en la tabla I la probabilidad del material genético correspondiente a la víctima vale 0.1, mientras que en la tabla II dicha probabilidad vale 0.2.

En ambas tablas los cálculos se han hecho para unas probabilidades del material genético B, no perteneciente a la víctima, que varían de 0.1 en 0.1, comenzando en 0.05 y finalizando en 0.55.

Para cada una de las correspondientes probabilidades de B, 0.05, 0.15, 0.25, 0.35, 0.45 y 0.55, se ha supuesto que el número de alelos varía desde 1 hasta 6. La probabilidad de cada uno de éstos alelos se selecciona al azar y la suma de éstas probabilidades es igual a la probabilidad de B.

Por motivos de espacio el cálculo de probabilidades se ha realizado con cuatro cifras decimales. Con el fin de lograr una mejor comprensión, las celdas que se correponden con probabilidades inferiores a la diezmilésima se dejan en blanco.

En la columna 1 de las tablas I y II se almacena la probabilidad de los alelos de la víctima; en la columna 2 , la probabilidad de los alelos que no pertenecen a la víctima; en la 3, la suma de las dos probabilidades anteriores; en la 4, el número de alelos; en las 6 columnas siguientes (de P1 a P6), se recoge la probabilidad de cada uno de los alelos de los agresores, y en las restantes columnas (1 a 15) se da la probabilidad de los sucesos V_n, n = 1, 2, ... 15.

Del exámen de las tablas I y II se pueden obtener las siguientes conclusiones:

1) Para una misma probabilidad del material genético no perteneciente a la víctima, y un mismo número de alelos, las probabilidades de los sucesos V_n aumentan al pasar la probabilidad del material genético de la víctima de 0.1 a 0.2.

Cuando ésto no sucede, se debe a la variabilidad de la probabilidad de los distintos alelos de los presuntos agresores.

2) El conjunto de casillas con probabilidades superiores a la diezmilésima de la tabla 1, está contenido en el conjunto de celdas que tienen igual característica en la tabla 2.

3) En ambas tablas, las probabilidades de cada uno de los sucesos V_n crece al aumentar la probabilidad de B.

4) Para una misma probablidad de B, la evidencia aumenta cuando crece el número de alelos de B. Como la evidencia es el inverso de la probabilidad (ver apartado 4.4), resulta que $P(UV_n)$ disminuye al aumentar el número de alelos.

7. Bibliografía.

1.- Feller W. (1973) Introducción a la teoría de probabilidades y sus aplicaciones. Ed. Limusa-Willey.

2.- Foreman L. A., Smith A. F. M., Evet I. W. (1997) A bayesian approach to validating STR multiplex databases for use in forensic casework. Int. J. Legal Med. Vol. 110, p. 244-250.

Tabla I

PV	PB	PV+PB	q	P1	P2	P3	P4	P5	P6	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
0,10	0,05	0,15	1	0,050						0,0125	0,0004													
0,10	0,05	0,15	2	0,021	0,029					0,0012	0,0001													
0,10	0,05	0,15	3	0,011	0,024	0,015																		
0,10	0,05	0,15	4	0,007	0,015	0,013	0,015																	
0,10	0,05	0,15	5	0,009	0,007	0,009	0,012	0,013																
0,10	0,05	0,15	6	0,008	0,006	0,010	0,011	0,007	0,008															
0,10	0,15	0,25	2	0,098	0,052					0,0102	0,0019	0,0002												
0,10	0,15	0,25	3	0,034	0,048	0,068					0,0005	0,0001												
0,10	0,15	0,25	4	0,027	0,047	0,044	0,032																	
0,10	0,15	0,25	5	0,040	0,039	0,025	0,027	0,019																
0,10	0,15	0,25	6	0,032	0,028	0,019	0,030	0,025	0,016															
0,10	0,25	0,35	1	0,250						0,1125	0,0149	0,0018	0,0002											
0,10	0,25	0,35	2	0,086	0,164					0,0281	0,0090	0,0015	0,0002											
0,10	0,25	0,35	3	0,101	0,101	0,048					0,0027	0,0007	0,0001											
0,10	0,25	0,35	4	0,059	0,071	0,046	0,074				0,0003	0,0003	0,0001											
0,10	0,25	0,35	5	0,029	0,050	0,063	0,044	0,065																
0,10	0,25	0,35	6	0,061	0,021	0,032	0,046	0,032	0,057															
0,10	0,35	0,45	1	0,350						0,1925	0,0409	0,0083	0,0017	0,0003	0,0001									
0,10	0,35	0,45	2	0,205	0,145					0,0595	0,0289	0,0073	0,0016	0,0003	0,0001									
0,10	0,35	0,45	3	0,072	0,105	0,174					0,0086	0,0038	0,0011	0,0003	0,0001									
0,10	0,35	0,45	4	0,075	0,062	0,092	0,122				0,0012	0,0015	0,0006	0,0002										
0,10	0,35	0,45	5	0,060	0,040	0,056	0,108	0,085				0,0002	0,0002	0,0001										
0,10	0,35	0,45	6	0,046	0,070	0,044	0,068	0,054	0,068				0,0001											
0,10	0,45	0,55	1	0,450						0,2925	0,0914	0,0277	0,0084	0,0025	0,0008	0,0002	0,0001							
0,10	0,45	0,55	2	0,176	0,274					0,0965	0,0663	0,0245	0,0080	0,0025	0,0008	0,0002	0,0001							
0,10	0,45	0,55	3	0,148	0,142	0,161					0,0262	0,0161	0,0064	0,0022	0,0007	0,0002	0,0001							
0,10	0,45	0,55	4	0,110	0,143	0,091	0,106				0,0036	0,0060	0,0036	0,0015	0,0006	0,0002	0,0001							
0,10	0,45	0,55	5	0,097	0,105	0,074	0,107	0,067				0,0013	0,0014	0,0008	0,0004	0,0001								
0,10	0,45	0,55	6	0,063	0,081	0,086	0,098	0,053	0,069			0,0001	0,0003	0,0003	0,0002	0,0001								
0,10	0,55	0,65	1	0,550						0,4125	0,1784	0,0754	0,0319	0,0135	0,0057	0,0024	0,0010	0,0004	0,0002	0,0001				
0,10	0,55	0,65	2	0,282	0,268					0,1511	0,1390	0,0698	0,0311	0,0134	0,0057	0,0024	0,0010	0,0004	0,0002	0,0001				
0,10	0,55	0,65	3	0,173	0,184	0,193					0,0553	0,0459	0,0252	0,0120	0,0054	0,0023	0,0010	0,0004	0,0002	0,0001				
0,10	0,55	0,65	4	0,186	0,192	0,093	0,079				0,0063	0,0140	0,0115	0,0069	0,0036	0,0017	0,0008	0,0004	0,0002	0,0001				
0,10	0,55	0,65	5	0,125	0,072	0,072	0,160	0,121				0,0034	0,0050	0,0040	0,0025	0,0013	0,0007	0,0003	0,0001	0,0001				
0,10	0,55	0,65	6	0,067	0,065	0,078	0,137	0,083	0,121			0,0003	0,0014	0,0017	0,0013	0,0008	0,0005	0,0002	0,0001	0,0001				
0,10	0,65	0,75	1	0,650						0,5525	0,3163	0,1780	0,1001	0,0563	0,0317	0,0178	0,0100	0,0056	0,0032	0,0018	0,0010	0,0006	0,0003	0,0002
0,10	0,65	0,75	2	0,253	0,397					0,2009	0,2399	0,1610	0,0961	0,0554	0,0314	0,0178	0,0100	0,0056	0,0032	0,0018	0,0010	0,0006	0,0003	0,0002
0,10	0,65	0,75	3	0,190	0,247	0,213					0,1019	0,1102	0,0798	0,0503	0,0299	0,0173	0,0099	0,0056	0,0032	0,0018	0,0010	0,0006	0,0003	0,0002
0,10	0,65	0,75	4	0,182	0,179	0,115	0,174				0,0156	0,0445	0,0467	0,0359	0,0240	0,0149	0,0089	0,0052	0,0030	0,0017	0,0010	0,0006	0,0003	0,0002
0,10	0,65	0,75	5	0,162	0,068	0,127	0,125	0,167				0,0090	0,0171	0,0178	0,0144	0,0102	0,0067	0,0042	0,0025	0,0015	0,0009	0,0005	0,0003	0,0002
0,10	0,65	0,75	6	0,164	0,068	0,097	0,066	0,109	0,147			0,0008	0,0043	0,0068	0,0071	0,0059	0,0044	0,0030	0,0019	0,0012	0,0007	0,0004	0,0003	0,0002

Tabla II

PV	PB	PV+PB	q	P1	P2	P3	P4	P5	P6	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
0,20	0,05	0,25	1	0,050						0,0225	0,0023	0,0002												
0,20	0,05	0,25	2	0,021	0,029					0,0012	0,0004													
0,20	0,05	0,25	3	0,012	0,018	0,020																		
0,20	0,05	0,25	4	0,010	0,010	0,014	0,015																	
0,20	0,05	0,25	5	0,006	0,012	0,007	0,011	0,014																
0,20	0,05	0,25	6	0,004	0,011	0,008	0,011	0,011	0,005															
0,20	0,15	0,35	1	0,150						0,0825	0,0134	0,0018	0,0002											
0,20	0,15	0,35	2	0,075	0,075					0,0112	0,0052	0,0010	0,0002											
0,20	0,15	0,35	3	0,039	0,052	0,059					0,0008	0,0003	0,0001											
0,20	0,15	0,35	4	0,039	0,052	0,034	0,025																	
0,20	0,15	0,35	5	0,020	0,039	0,034	0,017	0,040																
0,20	0,15	0,35	6	0,017	0,021	0,022	0,022	0,034	0,034															
0,20	0,25	0,45	1	0,250						0,1625	0,0394	0,0082	0,0017	0,0003	0,0001									
0,20	0,25	0,45	2	0,165	0,085					0,0281	0,0183	0,0055	0,0013	0,0003	0,0001									
0,20	0,25	0,45	3	0,094	0,078	0,079					0,0045	0,0025	0,0008	0,0002	0,0001									
0,20	0,25	0,45	4	0,057	0,031	0,084	0,078				0,0003	0,0004	0,0002	0,0001										
0,20	0,25	0,45	5	0,028	0,029	0,061	0,072	0,060				0,0001	0,0001											
0,20	0,25	0,45	6	0,049	0,032	0,051	0,046	0,021	0,051															
0,20	0,35	0,55	1	0,350						0,2625	0,0899	0,0276	0,0084	0,0025	0,0008	0,0002	0,0001							
0,20	0,35	0,55	2	0,180	0,170					0,0612	0,0535	0,0222	0,0076	0,0024	0,0008	0,0002	0,0001							
0,20	0,35	0,55	3	0,151	0,131	0,068					0,0121	0,0092	0,0043	0,0016	0,0006	0,0002	0,0001							
0,20	0,35	0,55	4	0,093	0,094	0,089	0,074				0,0014	0,0030	0,0021	0,0010	0,0004	0,0002	0,0001							
0,20	0,35	0,55	5	0,066	0,059	0,057	0,071	0,097				0,0004	0,0006	0,0004	0,0002	0,0001								
0,20	0,35	0,55	6	0,058	0,064	0,031	0,072	0,059	0,067				0,0001	0,0001	0,0001									
0,20	0,45	0,65	1	0,450						0,3825	0,1769	0,0754	0,0319	0,0135	0,0057	0,0024	0,0010	0,0004	0,0002	0,0001				
0,20	0,45	0,65	2	0,196	0,254					0,0996	0,1131	0,0629	0,0295	0,0130	0,0056	0,0024	0,0010	0,0004	0,0002	0,0001				
0,20	0,45	0,65	3	0,100	0,230	0,120					0,0281	0,0281	0,0176	0,0092	0,0044	0,0020	0,0009	0,0004	0,0002	0,0001				
0,20	0,45	0,65	4	0,136	0,109	0,078	0,128				0,0035	0,0098	0,0092	0,0060	0,0033	0,0017	0,0008	0,0004	0,0002	0,0001				
0,20	0,45	0,65	5	0,133	0,049	0,063	0,065	0,140				0,0011	0,0021	0,0019	0,0013	0,0008	0,0004	0,0002	0,0001					
0,20	0,45	0,65	6	0,049	0,100	0,061	0,050	0,087	0,104			0,0001	0,0005	0,0007	0,0007	0,0005	0,0003	0,0002	0,0001					
0,20	0,55	0,75	1	0,550						0,5225	0,3148	0,1779	0,1001	0,0563	0,0317	0,0178	0,0100	0,0056	0,0032	0,0018	0,0010	0,0006	0,0003	0,0002
0,20	0,55	0,75	2	0,344	0,206					0,1416	0,2031	0,1476	0,0917	0,0539	0,0310	0,0176	0,0100	0,0056	0,0032	0,0018	0,0010	0,0006	0,0003	0,0002
0,20	0,55	0,75	3	0,180	0,160	0,209					0,0690	0,0866	0,0686	0,0457	0,0282	0,0166	0,0096	0,0055	0,0031	0,0018	0,0010	0,0006	0,0003	0,0002
0,20	0,55	0,75	4	0,159	0,113	0,127	0,150				0,0083	0,0288	0,0346	0,0291	0,0208	0,0135	0,0083	0,0050	0,0029	0,0017	0,0010	0,0005	0,0003	0,0002
0,20	0,55	0,75	5	0,135	0,099	0,131	0,102	0,082				0,0050	0,0114	0,0134	0,0118	0,0088	0,0061	0,0039	0,0024	0,0015	0,0009	0,0005	0,0003	0,0002
0,20	0,55	0,75	6	0,116	0,095	0,047	0,082	0,114	0,096			0,0003	0,0022	0,0040	0,0047	0,0043	0,0034	0,0024	0,0016	0,0010	0,0007	0,0004	0,0002	0,0001