

# La valoración estadística de la prueba de ADN para juristas

En: Las bases de datos policiales de ADN. ¿Son realmente una herramienta eficaz en la lucha contra la criminalidad grave nacional y transfronteriza? DNA Police databases. Are they a truly effective tool in the fight against national and crossborder serious crime? Ed. Dykinson, 2013. ISBN: 978-84-9031-558-3.

*Lourdes Prieto<sup>1</sup> y Ángel Carracedo<sup>2</sup>*

<sup>1</sup>Instituto Universitario de Investigación en Ciencias Policiales (IUICP). Comisaría General de Policía Científica. Madrid.

<sup>2</sup>Instituto de Ciencias Forenses “Luis Concheiro”. Universidad de Santiago de Compostela.

## Resumen

*El éxito que la prueba de ADN ha alcanzado en el campo penal se debe a principalmente a dos hechos: el avance tecnológico que ha hecho posible la obtención de información sustancial a partir de mínimas cantidades de material biológico y la posibilidad de realizar una valoración estadística (objetiva) de los resultados obtenidos en el laboratorio. Ambos son los pilares que fundamentan que esta prueba tenga carácter eminentemente científico.*

*Sin embargo, en la práctica no se comprende a veces el alcance de esta prueba ni cuál es el verdadero significado de la interpretación estadística de misma. Debido a la fama que ha alcanzado con las series televisivas, se tiene una fe ciega en el análisis de ADN y sin embargo también tiene sus limitaciones. En este artículo intentaremos exponer de la forma más clara posible por qué es necesaria una valoración matemática del análisis de ADN en el contexto forense, qué limitaciones tiene la prueba y cuáles son las claves de una interpretación adecuada para que realmente este análisis tenga valor pericial.*

*Somos conscientes de que esta tarea no es fácil, y por ello rogamos un poco de paciencia al lector. La valoración estadística de la prueba científica no es ni mucho menos intuitiva, sino que tiene cierta complejidad. Por tanto implica esfuerzo y reflexión para poder entenderla y seguramente la lectura repetida de algunos apartados de este artículo. Hemos intentado poner muchos ejemplos para una mejor comprensión de lo que intentamos transmitir y esperamos que sean útiles. En cualquier caso, el esfuerzo del lector se verá muy recompensado, pues si entiende la valoración de la prueba de ADN entenderá la valoración estadística de cualquier prueba científica (dactiloscópica, balística, etc.).*

## I. INTRODUCCIÓN

Los genetistas forenses somos conscientes de la incongruencia de expresiones como “verdad absoluta, científicamente probada”. La propia historia de la ciencia nos ha demostrado cómo han caído teorías científicas de las que se tenía “absoluta” certeza. Muy al contrario, el verdadero científico duda de todo por naturaleza y ese ha sido el motor que nos ha hecho evolucionar en el conocimiento y comprensión de cómo funcionan las cosas.

Sin embargo, en muchas especialidades de la criminalística que se consideran científicas, todavía hoy se realizan afirmaciones categóricas a la hora de valorar los resultados obtenidos tras el análisis de las pruebas relacionadas con el delito (la evidencia). Así, el perito tradicional, basándose en su experiencia, se atreve a afirmar que una huella pertenece a un individuo concreto o que una bala fue disparada por un arma sin ningún género de duda. Por el contrario, en el campo de la genética forense, la valoración del resultado del análisis de la evidencia se realiza desde el punto de vista probabilístico. Esto hace que la prueba de ADN sea de las más objetivas, pues al

introducir una probabilidad estamos midiendo la incertidumbre de las opiniones que emitimos. No quiere decir esto que la prueba de ADN sea insegura, sino que somos capaces de alcanzar una precisión tal, que podemos valorar el nivel de incertidumbre que la prueba ofrece<sup>1</sup>.

Sorprendentemente, en España hubo un marcado interés por la valoración de la prueba dactiloscópica ya en el siglo pasado. En 1955, el jefe del Gabinete de Identificación de Madrid, Florentino Santamaría Beltrán, publicó un artículo titulado *A new method of evaluating ridge characteristics* en la revista *Fingerprint and Identification Magazine*. En este estudio se presentaba la frecuencia de ocurrencia en la población de 10 tipos diferentes de crestas papilares. El hecho de encontrar diferentes frecuencias hizo que Santamaría se planteara por qué era necesario fijar un número de puntos característicos concretos para establecer la identificación (de 10 a 12 puntos en aquella época). Sin duda, Santamaría Beltrán fue una persona adelantada a su tiempo, y sus afirmaciones no estaban carentes de razón. Es fácil entender que si se logran localizar por ejemplo sólo 7 puntos característicos en una huella, pero algunos de ellos son muy poco frecuentes, el grado de certeza en la identificación puede ser mayor que el obtenido tras el hallazgo de más puntos característicos pero que aparecen con elevada frecuencia en la población. Desgraciadamente, ni en España ni en el extranjero se puso atención a los trabajos de Santamaría Beltrán y, hoy en día, en algunos países, todavía no se tienen en cuenta sus estudios y razonables conclusiones en el campo de la dactiloscopia.

## II. NECESIDAD DE UNA VALORACIÓN ESTADÍSTICA

### 1. La aproximación “frecuentística”

En primer lugar cabe destacar aquí que en la prueba de ADN con fines forenses no se realiza un estudio minucioso de todo el ADN de un individuo. Aunque esto es ya posible técnicamente en un tiempo y a un coste razonable, los restos biológicos que nos encontramos en la escena del delito no presentan la calidad y cantidad de ADN suficiente para poder llevarlo a cabo actualmente. Es más, ni siquiera es interesante, pues gran parte de nuestro ADN es idéntico en todos los individuos de la población mundial y por ello no nos serviría para identificar. Es por esto que nos centramos en el análisis del ADN más variable entre individuos (el más polimórfico), pero ni si quiera analizamos todo el ADN variable, sino sólo una pequeñísima parte.

Pongamos un ejemplo. Supongamos que en vez de ADN estamos analizando características físicas de los individuos y que conocemos la frecuencia con la que aparece cada una de ellas en la población (ver tabla 1). Con esta información podremos saber con qué frecuencia aparece en la población una persona con unas características concretas (por ejemplo: ojos marrones y pelo castaño y rizado: si suponemos que estos caracteres tienen una frecuencia en la población del 60%, 50% y 20% respectivamente, aparecerían con frecuencia  $0,6 \times 0,5 \times 0,2 = 0,06$ ; es decir, 6 de cada 100 personas tienen estas características). Cabe aclarar aquí que el ejemplo mostrado es totalmente ficticio, e

---

<sup>1</sup> CARRACEDO A. “Valoración e interpretación de la prueba pericial sobre ADN ante los tribunales”. Nuevas técnicas de Investigación del delito: Intervenciones corporales y ADN. Centro de Estudios Jurídicos, 2004, pp. 1979-1989, <http://www.cej.justicia.es/pdf/publicaciones/fiscales/FISCAL39.pdf>

incluso incorrecto, ya que los caracteres presentados en la tabla no son independientes entre sí, pues existe cierta asociación en algunos de ellos (por ejemplo, los rubios suelen tener ojos claros) y por tanto sus frecuencias no podrían ser multiplicadas directamente<sup>2</sup>. Pero a efectos de entender lo que intentamos explicar es un ejemplo adecuado.

Característica	Posibilidades	Frecuencia de ocurrencia (en porcentaje)
Color de ojos	Marrones	0,6 (60%)
	Verdes	0,3 (30%)
	Azules	0,2 (20%)
Color de pelo	Negro	0,2 (20%)
	Castaño	0,5 (50%)
	Rubio	0,2 (20%)
	Pelirrojo	0,1 (10%)
Tipo de pelo	Liso	0,3 (30%)
	Rizado	0,2 (20%)
	Ondulado	0,5 (50%)

**Tabla 1.** Ejemplo de las frecuencias con las que diferentes características físicas se presentan en la población

Pues bien, en el análisis de ADN con fines forenses lo que hacemos es estudiar partes concretas de ese ADN, y a cada parte la llamamos marcador genético (en la tabla 1, un marcador genético equivaldría a una característica física, por ejemplo “color de ojos”). Cada marcador genético puede manifestarse de varias formas en la población, y a cada forma la llamamos alelo (en la tabla 1, un alelo sería una posibilidad, por ejemplo “marrones”). Además conocemos la frecuencia con la que aparece en la población cada “posibilidad” dentro de los caracteres variables que estudiamos (conocemos la frecuencia de cada alelo dentro de cada marcador genético) y lo tenemos en cuenta para evaluar el resultado obtenido.

Pero para facilitar la lectura y no complicarnos con términos genéticos imaginemos que estamos analizando una mancha biológica relacionada con un hecho

<sup>2</sup> Sólo cuando dos sucesos son independientes pueden multiplicarse sus probabilidades. Por ejemplo, la probabilidad de obtener un 6 y un 5 al tirar dos dados es 1/36. La probabilidad de obtener un 6 al lanzar un dado es 1/6, es decir un caso favorable (obtener un 6) frente a 6 casos posibles (obtener 1, 2, 3, 4, 5 o 6); y la probabilidad de obtener un 5 al lanzar el otro dado es también 1/6. El resultado que se obtiene con uno de los dados no influye en absoluto en el resultado que se obtendrá en el otro y por eso se trata de dos sucesos independientes y sus probabilidades se pueden multiplicar ( $1/6 \times 1/6 = 1/36$ ).

Por el contrario, si dos sucesos son dependientes, sus probabilidades no se pueden multiplicar. Imaginemos que tenemos en una bolsa 4 bolas rojas y 4 verdes, y que dos de las bolas rojas llevan impresa una A y las otras dos una B; además tres de las cuatro bolas verdes llevan una “A” y sólo una bola verde lleva una “B”. La probabilidad de coger una bola roja es 4/8 (4 casos favorables porque tenemos 4 bolas rojas y 8 casos posibles porque tenemos 8 bolas), es decir 1/2. La probabilidad de obtener una bola con “A” sería 5/8 (tenemos 5 bolas con la letra A en las 8 bolas). Sin embargo, la probabilidad de obtener una bola roja con la letra A no sería la multiplicación de ambas probabilidades ( $1/2 \times 5/8 = 5/16$ ), sino que sería 2/8 (2 casos favorables de bola roja con A frente a 8 bolas posibles). El color de la bola y la letra que llevan impresa son dos características que no son independientes, sino que van juntas y por eso sus probabilidades no se pueden multiplicar.

delictivo y que obtuviéramos el resultado “ojos marrones, pelo castaño y rizado” (lo que traducido a la genética forense sería el perfil genético); y supongamos también que en una muestra biológica tomada al acusado obtenemos el mismo resultado (el mismo perfil genético). En ningún caso el perito genetista dirá que la mancha pertenece al acusado (y mucho menos que el acusado es culpable), sino que esa combinación de caracteres aparece en 6 de cada 100 personas de la población. Es decir, el perito valora el resultado de forma objetiva y en ningún caso emite una opinión sobre si el acusado es culpable o no.

Es cierto que en España, el número de marcadores genéticos que se utilizan de rutina en el análisis de la prueba biológica es mayor que los expuestos en el ejemplo (normalmente, 15 marcadores, es decir, 15 características), y que esos marcadores son también más polimórficos (más variables en la población) que las características del ejemplo (los quince tienen más de tres posibilidades cada uno). Es por eso que muchas veces alcanzamos valores mucho más elevados, en el rango de 1 de cada millones de personas. Pero en ningún caso eso significa que el perfil genético en cuestión sea único en el mundo. De hecho puede no serlo si el donante de la muestra biológica aparecida en la escena del delito tiene un hermano gemelo. Al acompañar el resultado genético con una valoración numérica estamos por tanto midiendo hasta dónde podemos llegar con nuestro análisis, es decir estamos midiendo la incertidumbre.

## 2. La aproximación bayesiana

Pero el genetista forense va un paso más allá y es capaz de ofrecer al juez los resultados de la prueba genética de una forma más cómoda para él, con el fin de que éste pueda combinar la información obtenida en la prueba de ADN con otras informaciones no genéticas obtenidas durante la investigación. Y ello es posible valorando la prueba desde un punto de vista bayesiano. No es objeto de este artículo exponer el teorema de Bayes<sup>3</sup> sobre probabilidades condicionadas, sino sólo transmitir al lector su filosofía.

El perito forense puede evaluar los resultados de su analítica desde dos puntos de vista contrarios y mutuamente excluyentes (desde la perspectiva del fiscal y desde la perspectiva de la defensa), mediante un cociente llamado Razón de verosimilitud o LR (del inglés *Likelihood Ratio*). Para ello es necesario enunciar dos hipótesis sobre los hechos, por ejemplo:

$H_p$  (hipótesis del fiscal) = la mancha de sangre hallada en la escena del crimen pertenece al acusado

$H_d$  (hipótesis de la defensa) = la mancha de sangre hallada en la escena del crimen NO pertenece al acusado<sup>4</sup>.

---

<sup>3</sup> BAYES, T., (1763). «An Essay towards solving a Problem in the Doctrine of Chances». *Philosophical Transactions of the Royal Society of London* **53**: 370–418

<sup>4</sup> Este enunciado se ha simplificado con el fin de hacer entendible la explicación, pero en realidad, si el acusado NO dejó la sangre en la escena, en la hipótesis de la defensa se debe definir con más precisión quién dejó la mancha en la escena: ¿un individuo al azar de la población?, ¿de qué población?, ¿española?, o ¿un individuo relacionado familiarmente con el acusado?

El LR nos mide la probabilidad de haber obtenido los resultados del análisis genético de la mancha biológica y de la muestra biológica del acusado (sea cual sea este resultado, es decir, coincidan sus perfiles genéticos o no) bajo las dos hipótesis mencionadas. En términos más entendibles, nos mide cuántas veces es más probable haber obtenido esos resultados genéticos (“ojos marrones, pelo castaño y rizado”) si suponemos que el acusado dejó la mancha en comparación al supuesto de que otro individuo dejó esa mancha en la escena del delito. Y se formula de la siguiente forma:

$$LR = \frac{P(E/Hp)}{P(E/Hd)}$$

probabilidad de la prueba genética suponiendo que la sangre es del acusado  
 -----  
 probabilidad de la prueba genética suponiendo que la sangre NO es del acusado

siendo E = evidencia (el resultado genético en la muestra hallada en la escena y en la muestra biológica del acusado) y P = probabilidad.

Supongamos que el perfil genético hallado en la mancha coincide perfectamente con el perfil hallado en la muestra indubitada del acusado. Evidentemente, bajo el supuesto de que el acusado dejó la mancha de sangre (Hp), encontraremos su perfil genético en la mancha con probabilidad 1 (con probabilidad del 100% en forma de porcentaje, es decir, siempre) pues no puede aparecer en la evidencia un perfil genético distinto al del acusado si es él el dueño de la mancha de sangre de la escena. Por tanto, el numerador del cociente del LR será 1 en este caso:  $P(E/Hp) = 1$ .

Pero bajo el supuesto de que la mancha de la escena NO pertenece al acusado, la probabilidad de la evidencia cambia. Si la mancha no es del acusado tiene que pertenecer a alguien de iguales características al acusado (con el mismo perfil genético) y por tanto esta probabilidad se traduce en la frecuencia con que ese perfil genético aparece en la población (por ejemplo 6 de cada 100 personas en el ejemplo “ojos marrones, pelo castaño y rizado”, es decir  $6/100 = 0,06$ ). Por tanto, el denominador del cociente del LR será en este ejemplo:  $P(E/Hd)=0.06$

Ahora sólo tenemos que calcular el LR total:  $LR = 1/0,06 = 16,6$ .

Pero ¿qué significa realmente este resultado? Significa que es 16,6 veces más probable hallar el perfil genético encontrado en la mancha de la escena si suponemos que esa mancha la dejó el acusado (Hp) que si suponemos que la dejó otra persona (Hd). Es decir, la evidencia muestra un resultado a favor de la hipótesis del fiscal (16,6 veces más a favor del fiscal respecto a la defensa).

Cuando el resultado del LR es igual a 1, la evidencia es neutra, es decir, apoya por igual la hipótesis del fiscal y la de la defensa. Y finalmente, cuando el LR es menor que 1, la evidencia apoya la hipótesis de la defensa. Por tanto, por medio del LR, el jurista puede hacerse una idea del significado real de la prueba genética. En muchos casos, los LRs obtenidos con la prueba genética van a ser abrumadores (LRs del orden de millones, es decir muy a favor de la hipótesis del fiscal, con una fuerza de millones),

pero veremos en apartados posteriores que esto no es siempre así, pues no siempre se logran buenos resultados en el análisis de la evidencia biológica (por el mal estado de conservación del ADN o por la poca cantidad que contienen). Por otro lado, a veces el genetista forense se ve obligado a analizar otros tipos de ADN distintos a los analizados rutinariamente, y como veremos, estos otros tipos de ADN no tienen un poder de discriminación tan elevado.

Pero no acaban aquí las ventajas de la valoración de la prueba desde el punto de vista bayesiano. Apuntábamos al principio de este apartado que esta manera de evaluar la prueba permite al jurista combinar los resultados del análisis genético con otros resultados no genéticos obtenidos tras la investigación del hecho delictivo. Se logra simplemente multiplicando el valor obtenido en el LR por el valor de la prueba no genética (llamada probabilidad *a priori*). Esta multiplicación resulta en lo que llamamos probabilidad *a posteriori* y representa la probabilidad de la “culpabilidad” teniendo en cuenta la evidencia, es decir, exactamente lo que el juez quiere saber. Su formulación es muy sencilla:

$$P_{a\ posteriori} = P_{a\ priori} \times LR$$

Para poder calcular la probabilidad *a priori*, el juez tiene que pensar en toda la información de la investigación en forma de apuesta. El juez tiene una idea de la “culpabilidad” o “no culpabilidad” del acusado antes de realizar la prueba genética por medio de la evaluación de otros indicios (testigos que lo pudieron identificar en la escena, ausencia de coartada, etc.). Se puede plasmar esta información en forma numérica, por ejemplo en forma de apuesta (1000 a 1 a favor de la inocencia si el juez considera que el acusado es inocente con muchas posibilidades). El juez puede integrar toda la información simplemente haciendo una multiplicación de su probabilidad *a priori* por el LR, obteniéndose la probabilidad *a posteriori* de culpabilidad (ver ejemplos en tabla 2).

<i>A priori</i>	LR	<i>A posteriori</i>
<b>1000 a 1 a favor de inocente (es decir 0,1% culpable y 99,9% inocente)</b>	100	10 a 1 a favor de inocencia (0,001 x 100 = 10)
<b>1 a 1 (mismas posibilidades de culpabilidad o inocencia, es decir 50% culpable y 50% inocente)</b>	100	100 a 1 a favor de culpabilidad (1 x 100)
<b>1000 a 1 a favor de culpable (es decir, 10% inocente y 90% culpable)</b>	100	100000 a 1 a favor de culpable (1000 x 100 = 100000)

**Tabla 2.** Probabilidades *a posteriori* obtenidas con el mismo LR y diferentes probabilidades *a priori*

Así, por ejemplo, si el juez tiene pruebas no genéticas que incriminan al acusado (por ejemplo 1000 a 1 a favor de la culpabilidad) y además se analiza una mancha de sangre hallada en la escena y el perfil genético coincide con el del acusado (por ejemplo con un LR = 1 millón), la probabilidad a posteriori de culpabilidad se ve muy incrementada por el LR, es decir, por la prueba científica (1000 veces 1 millón).

Por el contrario, si se está analizando un filtro de cigarrillo encontrado en la escena (vivienda de la víctima), cuyo perfil genético es completo y coincide con el perfil del acusado, pero el juez sabe que esa evidencia puede haber aparecido en la escena sin que ello implique culpabilidad (por ejemplo porque víctima y sospechoso convivían y no se dispone de otra información), su probabilidad *a priori* debe ser baja. Y por tanto, la probabilidad *a posteriori* se vería menos incrementada por la prueba científica a pesar del elevado LR. En el caso extremo, si el juez estuviera seguro de que el acusado es inocente, la probabilidad *a posteriori* sería 0 a pesar de contar con un LR de millones.

Finalmente, si el perfil genético hallado en la escena es parcial (con un LR bajo), víctima y acusado no guardan relación alguna y además hay testigos que vieron salir de la vivienda al acusado, la probabilidad *a priori* del juez debe ser elevada (aunque el LR sea bajo por tratarse de un perfil genético parcial). Por ejemplo, un LR de 100 resultaría en una probabilidad *a posteriori* de 100.000 a 1 a favor de la culpabilidad si la probabilidad *a priori* es 1000 a 1 a favor de la culpabilidad (ver tabla 2).

Se ve claro en estos ejemplos que es el juez el que debe valorar la evidencia en conjunto; y con la aproximación bayesiana se evita que el perito haga las funciones de juez. El perito genetista no dispone de la información no genética que el juez conoce y no es función del experto emitir una opinión sobre la culpabilidad o inocencia del acusado. La valoración que éste realiza de la prueba genética mediante el LR es aséptica, y ello garantiza que no esté influenciada por opiniones o informaciones que puedan llegarle por otros medios (por ejemplo prensa o televisión).

### III. LA MALA INTERPRETACIÓN DE LA PRUEBA

A pesar de las ventajas que tiene la valoración de la prueba desde el punto de vista bayesiano, no podemos obviar que esta valoración no está exenta de errores y malinterpretaciones. Uno de los errores más comunes es confundir el LR con la probabilidad a posteriori. Un ejemplo de expresar con palabras lo que significa el LR de forma correcta sería el siguiente (por ejemplo con un LR=1000):

*“Es mil veces más probable evidenciar este perfil genético (el resultante de los análisis) en la mancha de la escena si el perfil procede del acusado que si procede de otra persona al azar de la población española”*

Sin embargo, en muchas ocasiones el LR se traduce en palabras de forma errónea, como en el siguiente ejemplo:

*“Es mil veces más probable que este perfil proceda del acusado en comparación con que proceda de otra persona al azar de la población española”*

En el ejemplo correcto estamos hablando de probabilidades condicionadas, estamos valorando la evidencia (el perfil genético hallado en la mancha) suponiendo dos hipótesis (que proceda o no proceda del acusado). En términos matemáticos se traduce en  $p(E/H_p) / p(E/H_d)$ , justamente la definición de LR.

Sin embargo, en el ejemplo incorrecto estamos hablando directamente de las probabilidades de las hipótesis (el perfil procede del acusado o no procede del mismo) sin tener en cuenta la evidencia, es decir, estamos realmente definiendo algo muy distinto (en términos matemáticos estaríamos definiendo  $p(H_p) / p(H_d)$ , lo cual no define al LR).

La diferencia entre ambos casos puede parecer difícil de entender, pero quizá con un ejemplo no genético lo entendamos mejor. Imaginemos que un juez quiere saber si estamos en Galicia o en Almería y que como prueba disponemos de la información “está lloviendo”, es decir, la evidencia es “está lloviendo”. Lo que el perito hará será valorar este resultado (la lluvia) bajo las siguientes hipótesis: “estamos en Galicia” frente a “estamos en Almería”. Conociendo la frecuencia de lluvia en ambos sitios el perito puede valorar la evidencia (está lloviendo) teniendo en cuenta las dos hipótesis (probabilidad de que esté lloviendo si estamos en Galicia / probabilidad de que esté lloviendo si estamos en Almería). Y esto es todo lo que el perito puede decir. En ningún caso el perito informa directamente sobre la probabilidad de estar en Galicia o de estar en Almería (que sería la manera incorrecta de expresar el LR), pues no estaría tomando en cuenta la evidencia (está lloviendo).

Si esta valoración (LR) resulta mayor que 1, la hipótesis de estar en Galicia se ve favorecida (más favorecida cuanto mayor que 1 sea el resultado) y si es menor que 1, es la hipótesis de estar en Almería la que se ve favorecida (más favorecida cuanto menor que 1 sea el resultado). Pero es el juez el que tendrá que tener en cuenta otros datos además de la lluvia, para decidir si estamos en Galicia o en Almería.

#### **IV. CASOS ESPECIALES DE PROBABILIDADES A PRIORI**

Merece la pena detenerse en las probabilidades *a priori* por un momento, para comentar algunos casos en los que los expertos pueden ser de ayuda al juez para su cálculo. Es el caso de la identificación de cadáveres en desastres es en masa (grandes catástrofes, atentados terroristas) o de la identificación de restos humanos en fosas (víctimas de violaciones a los derechos humanos).

En estos casos, si se conoce el número de víctimas, la probabilidad *a priori* puede ser calculada por el genetista directamente teniendo en cuenta esa información. Por ejemplo, si se estrellara un avión y no hubiera supervivientes, y se conociera que el número de personas que en él viajaban fuera por ejemplo 170, la probabilidad *a priori* puede fijarse en 1/170 para cada identificación (170 a 1 a favor de no tratarse del cuerpo que buscamos), pues cualquiera de los cuerpos recuperados podría pertenecer a una de esas 170 personas antes de realizar el análisis genético. Esta probabilidad *a priori* puede ser modificada por otros expertos como los antropólogos, por ejemplo teniendo en cuenta el sexo, edad u otras características antropológicas (tatuajes, marcas, prótesis, etc.). Así, si en el avión se sabe que viajaban 42 mujeres y el cuerpo que se quiere identificar todavía posee características físicas que hacen visible su género, la probabilidad *a priori* para este caso podría ser 1/42 (que es la probabilidad de que un

cuerpo pertenezca a una mujer concreta de las mujeres que viajaban en el avión antes de realizar el análisis genético).

Por otro lado cabe también destacar que en los casos de paternidad o en los casos de identificación de cadáveres aislados, el genetista suele informar directamente de la probabilidad *a posteriori* y no del LR. Para ello supone una probabilidad *a priori* de 1 a 1, es decir, le da el mismo peso a la hipótesis de que el padre presunto sea el verdadero padre biológico (o de que el cadáver pertenezca al individuo al que se supone que pertenece antes del análisis genético) y a la hipótesis de que el presunto padre NO sea el verdadero padre biológico (o de que el cadáver NO pertenece al individuo que se sospecha). Se suele informar de estos resultados además con lo que llamamos la probabilidad de paternidad en forma de porcentaje; ésta se calcula a partir de la probabilidad *a posteriori*<sup>5</sup>.

Nuestra opinión es que esto no debiera ser así. En muchos casos, aunque pueda parecer que la elección de una probabilidad *a priori* de 1 a 1 puede ser justa (misma probabilidad de “ser” que de “no ser” antes del análisis genético), la realidad es que no lo es. Imaginemos un caso de paternidad en el que se sabe que el presunto padre conocía a la madre, o que hay testigos que acreditan que convivieron; este caso nada tiene que ver con un caso de paternidad en el que no hay indicios de que el presunto padre y la madre se conocieran; y sin embargo en ambos casos se aplica una probabilidad *a priori* de 1 a 1. Lo mismo ocurre en el caso de la identificación de cadáveres. Por ejemplo, es bastante habitual la muerte de personas ancianas que viven en soledad y que aparecen en su vivienda en avanzado estado de descomposición. Lógicamente, la probabilidad *a priori* en este tipo de identificaciones tiene que ser distinta a la identificación de un cadáver indocumentado por ejemplo aparecido en una playa.

Creemos que estos casos deberían informarse de igualmente a través del LR (llamado Índice de Paternidad o IP, índice de maternidad o IM, etc., según el tipo de parentesco), y que debe ser el juez, que es el que posee toda la información y la puede integrar, el que decida la probabilidad *a posteriori*. Pero si se pretendiera que en este tipo de casos el perito genetista informara de la probabilidad *a posteriori* o de la probabilidad de paternidad, éste debería hacerlo suponiendo varias probabilidades *a priori*, con el fin de que el juez elija la que mejor se ajuste a sus hipótesis antes de enviar las muestras al laboratorio de genética (ver ejemplos en tabla 3). Esto haría que el juez tomara conciencia de que la decisión es suya, por supuesto asistido por la información que el genetista le da; y además evitaría que el perito realice una función que no le corresponde. Sin embargo, cabe destacar que ésta solución que proponemos a través del cálculo de varias probabilidades *a posteriori* a partir de distintos *a priori* puede ser igualmente injusta, pues el rango de probabilidades *a priori* que el perito elija puede no tener nada que ver con la realidad, ya que éste desconoce las circunstancias de los casos que analiza y las probabilidades *a priori* que elije son totalmente arbitrarias.

<i>A priori</i>	IP	<i>A posteriori</i>	Probabilidad de
-----------------	----	---------------------	-----------------

<sup>5</sup> Para hacer este cálculo se divide la probabilidad *a posteriori* obtenida entre la probabilidad *a posteriori* +1, todo ello multiplicado por 100. Así, si obtenemos una probabilidad *a posteriori* de 1000 a 1 a favor de que sea el padre, la probabilidad de paternidad sería del 99,9000999% ((1000/1001) x 100 = 99,9000999%)

			paternidad
<b>1000 a 1 a favor de no ser el padre (es decir 0,1% de ser el padre y 99,9% de no ser padre)</b>	1000	1 a 1 a favor de ser el padre (0,001 x 1000 = 1)	50%
<b>100 a 1 a favor de no ser el padre (es decir 1% de ser el padre y 99% de no serlo)</b>	1000	10 a 1 a favor de ser el padre (0,01 x 1000 = 10)	90,90%
<b>10 a 1 a favor de no ser el padre (es decir 10% de ser el padre y 90% de no serlo)</b>	1000	100 a 1 a favor de ser el padre (0,1 x 1000 = 100)	99,0099%
<b>1 a 1 (mismas posibilidades de ser el padre o no serlo, es decir 50% y 50% de cada posibilidad)</b>	1000	1000 a 1 a favor de ser el padre (1 x 1000)	99,9001%
<b>1000 a 1 a favor de ser el padre (es decir, 10% de ser el padre y 90% de no ser el padre)</b>	1000	1000000 a 1 a favor de culpable (1000 x 1000 = 1000000)	99,9999990%

**Tabla 3.** Ejemplo de distintas probabilidades de paternidad con Índice de Paternidad constante (IP=1000) y distintas probabilidades *a priori*.

## V. IMPORTANCIA DE LAS HIPÓTESIS DE TRABAJO

Como hemos reseñado en apartados anteriores, para realizar la valoración matemática de la prueba genética desde el punto de vista bayesiano es necesario suponer al menos dos hipótesis contrarias que explique el resultado obtenido en la evidencia biológica. El genetista forense puede realizar este análisis matemático basándose en las hipótesis que el juez baraje. Normalmente y a pesar de que esto no debiera ser así, es el perito el que elige las dos hipótesis que cree que más se ajustan al caso que está analizando; pero puede ocurrir (y de hecho ocurre) que las hipótesis seleccionadas por el perito no sean las más adecuadas para el caso en cuestión (pues el perito desconoce todas las circunstancias del caso). Por tanto, tras la lectura del informe pericial o en el momento del juicio oral, el juez puede solicitar al experto que realice la valoración basándose en otras hipótesis, las que el juez considere más convenientes, las que sean más útiles para responder a sus preguntas.

Pongamos algunos ejemplos para un mejor entendimiento de la importancia del correcto establecimiento de hipótesis. Supongamos un caso de paternidad en el que se dispone de una muestra biológica de un niño, de su madre (a la que llamaremos M) y del presunto padre (Pp). Supongamos además que no se duda de la maternidad, y que lo que se quiere establecer es la paternidad. El juez podría entonces pedirle al perito genetista que realizara su valoración suponiendo las siguientes dos hipótesis:

*H<sub>p</sub> = el presunto padre es el verdadero padre biológico del niño, considerando que no se duda de que M es la madre biológica*

$H_d =$  el presunto padre NO es el verdadero padre biológico del niño, considerando que no se duda de que M es la madre biológica

Sin embargo, la  $H_d$  es un poco vaga, pues si Pp no es el verdadero padre biológico, entonces ¿quién es el verdadero padre? Esta pregunta puede tener varias respuestas, por ejemplo:

- a) El verdadero padre biológico es un individuo al azar de la población española
- b) El verdadero padre biológico es un individuo al azar de otra población (por ejemplo, nigeriana, en un caso de reagrupación familiar)
- c) El verdadero padre es un individuo emparentado con Pp

Cada una de estos supuestos da como resultado una valoración de la prueba distinta y por eso es importante que el perito conozca la pregunta del juez con todo detalle. En ausencia de esta información, el perito suele valorar la prueba suponiendo que el verdadero padre es un individuo al azar de la población donde ocurre el hecho (por ejemplo en España si estamos ante un caso de paternidad en el que los individuos involucrados son españoles). Pero esto no sería adecuado si por ejemplo en el momento de la concepción la madre se encontrara en otro lugar del mundo, o si se sospechara que el verdadero padre también podría ser el hermano del presunto padre.

En la investigación de casos criminales ocurre lo mismo, el perito necesita conocer cuál es la pregunta que le interesa al juez, cuáles son las hipótesis más adecuadas para realizar la valoración de sus resultados. Imaginemos que nos encontramos ante un caso de homicidio en el que en la escena se halla una muestra de sangre que presenta un perfil genético que coincide con el perfil genético del acusado. Sin otra información adicional, el perito supondrá las siguientes hipótesis:

$H_p$ : La mancha de sangre en la escena pertenece al acusado.

$H_d$ : La mancha de sangre en la escena NO pertenece al acusado, sino a otro individuo al azar de la población española no relacionado familiarmente con el acusado.

Pero, ¿qué pasaría si el juez supiera que el delito lo cometió el acusado o alguien de su familia? Entonces, en la  $H_d$  se debería incluir a los relacionados familiarmente con el acusado y no a cualquiera al azar de la población. O imaginemos que el caso se tratara de un ajuste de cuentas entre mafias extranjeras (por ejemplo de China) y que el juez no sabe quién cometió el delito pero está seguro de que se trata de un individuo extranjero (por ejemplo de China). Entonces, en la  $H_d$  habría que tener en cuenta esta información y así hacer la valoración considerando que el perfil hallado en la evidencia procede de un individuo extranjero y no español (ver el apartado “La población de referencia” para una mayor información).

Más aún, imaginemos que el juez tiene dos sospechosos y está seguro por otros medios de prueba que uno de los dos cometió el delito. En este supuesto, el genetista

forense podrá aportar mucha mayor fuerza a la evidencia, ya que los posibles “dueños” de la mancha en la escena sólo son dos y no cualquiera al azar de la población donde ocurrió el hecho delictivo (ver ejemplo de un caso de atropello en el apartado “la población de referencia”).

Queda reflejado por tanto con estos ejemplos la importancia del buen entendimiento y la comunicación fluida que debe existir entre los expertos y los juristas. Y creemos que esta es el único camino a seguir si queremos una valoración sólida de la prueba genética en los tribunales.

## **VI. DESMITIFICANDO LA PRUEBA DE ADN: EL PROBLEMA DE LOS “OTROS” TIPOS DE ADN**

La prueba genética aplicada al entorno forense ha adquirido una gran relevancia en los últimos años. Cada día es más elevado el número de solicitudes que los tribunales realizan con el fin de analizar muestras biológicas relacionadas con el delito, con la identificación de cadáveres o con la investigación de la paternidad y otros tipos de parentesco. Sin duda se debe a la gran capacidad de discriminación y poder individualizador que el ADN tiene. Sin embargo, no en todos los casos es así y los genetistas forenses estamos algo preocupados por la “fe ciega” que se tiene desde los tribunales de justicia en los análisis genéticos.

Rutinariamente y en la mayoría de los casos, los laboratorios de genética forense analizamos un tipo de ADN (llamado nuclear autosómico<sup>6</sup>) que se hereda de nuestro padre y de nuestra madre; en términos sencillos, la mitad del ADN de un individuo procede de su padre y la otra mitad de su madre. Con cada fecundación (en cada hijo de una pareja) la manera de combinarse el ADN paterno y el materno es distinta, y de ahí que cada hijo sea diferente (excepto en gemelos idénticos). Pero hay otros tipos de ADN que se heredan de forma distinta, como son el llamado ADN mitocondrial (ADNmt) y el ADN localizado en el cromosoma Y. No es objeto de este artículo describir en detalle los tipos de ADN<sup>7</sup>, cuestión que es puramente técnica y que el juez no tiene por qué conocer. Solamente queremos reseñar aquí cómo se heredan estos otros tipos de ADN para que el jurista entienda sus limitaciones.

El ADNmt se hereda únicamente de madres a hijos (tanto a hijos varones como a hijas) sin que el padre intervenga en absoluto, y por tanto no hay posibilidad de obtener distintas combinaciones en cada descendiente. Las hijas lo transmitirán a sus hijos (e hijas), pero los hijos no lo transmitirán; y así sucesivamente, generación tras generación. Por tanto, todos los individuos emparentados por vía materna tienen exactamente el mismo ADNmt (salvo cambios espontáneos llamados mutaciones). Lógicamente, el poder de discriminación de este tipo de ADN es mucho menor que el que tiene el ADN

---

<sup>6</sup> ADN nuclear autosómico: nuclear porque se encuentra dentro del núcleo, un compartimento dentro de las células, aislado del resto de componentes celulares; y autosómico porque forma parte de los cromosomas autosómicos. Los cromosomas no son más que ADN compacto, es decir ADN muy empaquetado para que ocupe poco espacio. Y pueden ser de dos tipos: autosómicos o sexuales. Los autosómicos contienen la información no relacionada con el sexo de los individuos y los sexuales contienen la información que configura el género de los individuos.

<sup>7</sup> Para más detalle consultar: Prieto L. “Aplicaciones forenses del ADN”. Nuevas técnicas de Investigación del delito: Intervenciones corporales y ADN. Centro de Estudios Jurídicos, 2004, pp. 1872-1889, <http://www.cej.justicia.es/pdf/publicaciones/fiscales/FISCAL36.pdf>

analizado de rutina (el ADN nuclear autosómico), pues no logramos con él diferenciar individuos (sólo linajes maternos. Además, incluso dos linajes maternos distintos pueden tener el mismo ADN mitocondrial por tener un ancestro común en el pasado, muchos años atrás (es decir, incluso distintas familias pueden tener el mismo ADNmt).

El ADN del cromosoma Y<sup>8</sup> se hereda de padres a hijos varones exclusivamente (las mujeres carecen de cromosoma Y); la madre no interviene en absoluto en su herencia. Por tanto, todos los varones emparentados por línea paterna poseen (en términos generales) exactamente el mismo cromosoma Y (salvo mutaciones). Así, al igual que en el caso del ADNmt, el poder de discriminación de este tipo de ADN es mucho menor que el del ADN nuclear autosómico, pues con él sólo logramos identificar linajes paternos (pero no individuos). También es posible además que dos linajes paternos distintos presenten el mismo patrón de características en sus cromosomas Y.

Es interesante analizar ambos tipos de ADN (mitocondrial<sup>9</sup> y cromosoma Y<sup>10</sup>) en ciertos casos. Pero las cifras que obtenemos a la hora de valorar desde el punto de vista bayesiano este tipo de prueba (mitocondrial o de cromosoma Y) son mucho menores que las obtenidas tras la valoración del ADN nuclear autosómico (si el perfil genético es completo). Si la valoración de perfiles genéticos autosómicos nos ofrecía habitualmente LR del orden de millones, la valoración de perfiles mitocondriales o de cromosoma Y nos ofrece habitualmente valores del LR del orden de decenas, cientos o miles. Por tanto, en la mayoría de los casos el valor de la evidencia mitocondrial o de cromosoma Y es de menos peso que el valor de la evidencia de ADN nuclear autosómico.

El conocimiento actual de la variabilidad del ADN mitocondrial o del cromosoma Y (las frecuencias con que aparecen los diferentes tipos de estos ADNs en la población) es, además, limitado y quizá por ello algunos genetistas no realizan valoraciones estadísticas en este tipo de pruebas. Pero este hecho nos preocupa mucho porque la ausencia de interpretación puede llevar a una malinterpretación de estas pruebas por parte del juez. Los juristas no están obligados a ser expertos en ADN y si por ejemplo el perito sólo incluye en su informe que el mitocondrial de la mancha en la escena coincide con el del acusado, el juez puede creer que esta coincidencia tiene mucha importancia (que es muy identificativa), pues al fin y al cabo es una prueba de

---

<sup>8</sup> El cromosoma Y es un cromosoma sexual. Las mujeres poseen dos cromosomas sexuales de idéntica morfología (llamados XX) y los varones poseen dos cromosomas sexuales diferentes en su morfología, tamaño y tipo de información que contienen (un cromosoma llamado X y otro llamado Y).

<sup>9</sup> El ADN mitocondrial se analiza cuando la evidencia no contiene suficiente ADN nuclear (pelos caídos, fragmentos de pelo, restos humanos en mal estado de conservación) o cuando se trata de establecer una relación familiar por vía materna (por ejemplo, cuando los familiares disponibles para realizar la identificación de un cadáver son alejados). En el primer caso la ventaja del análisis mitocondrial se basa en que tenemos mucha más cantidad de éste ADN que del ADN nuclear y por eso los resultados que obtenemos con este tipo de análisis son más exitosos en muestras con escaso ADN nuclear. En el segundo caso la ventaja radica en que un familiar materno de un cadáver que se desea identificar tiene que poseer el mismo ADNmt que éste, aunque se trate por ejemplo de un primo (hijo de la hermana de la madre).

<sup>10</sup> El uso más habitual del cromosoma Y en el campo forense se enfoca a casos en los que interesa establecer una relación familiar paterna o a casos de agresión sexual, pues en estos casos es habitual encontrar en la evidencia una mezcla del ADN nuclear autosómico de víctima y sospechoso. Si la víctima es una mujer (que no posee cromosoma Y) al analizar la mancha biológica sólo detectaremos el cromosoma Y del sospechoso y evitaremos así el obtener una mezcla de ADNs (autosómicos), que puede ser difícil de interpretar en muchas ocasiones.

ADN (con “la fama” que esto tiene); y sin embargo hay tipos mitocondriales que aparecen en el 5% de los linajes maternos.

Esperamos al menos que con este artículo quede claro para el jurista que hay varios tipos de ADN, y que no todos ellos ofrecen el mismo poder de discriminación entre los individuos y por tanto no todos ellos se pueden considerar de igual manera a la hora de valorar las coincidencias entre muestras desconocidas (evidencia) y muestras de referencia (indubitadas). Y animamos a los genetistas forenses a que calculen los LR<sub>s</sub> en el caso de haber realizado un test mitocondrial o de cromosoma Y en su informe.

## **VII. LA POBLACIÓN DE REFERENCIA**

La población de referencia es aquella que se utiliza para realizar la valoración estadística de los resultados de ADN, por tanto, la elección de una u otra población está íntimamente relacionada con el enunciado de las hipótesis. Pero para poder valorar un resultado genético en el contexto de una población concreta es necesario primero conocer genéticamente esa población, realizar lo que llamamos un estudio poblacional (en nuestro ejemplo, para saber con qué proporción aparece el carácter “ojos verdes” en España, tendremos que estudiar ése carácter en un número de individuos que sea representativo de la población española). Los estudios poblacionales de los marcadores genéticos que habitualmente se utilizan en el campo forense se vienen realizando desde que comenzó la era del ADN. Y la validez de estos estudios viene avalada por la publicación de los mismos en las revistas científicas, pues para que un estudio poblacional se publique tiene que ser previamente revisado por dos expertos de forma independiente.

Normalmente, si no se dispone de otra información que indique lo contrario, el perito elige la población donde ocurrió el hecho delictivo como población de referencia. Así, si aparece en la escena una mancha de sangre cuyo perfil genético coincide con el perfil del acusado y el hecho ocurrió en España, el perito valorará sus resultados teniendo en cuenta la frecuencia del perfil genético obtenido en la población española, pues los otros posibles “dueños” de la mancha aparecida en la escena serán otros individuos de la población española.

Sin embargo, la elección de la población de referencia no está exenta de problemas. Por un lado, el concepto de población es dinámico, es decir, la población de un lugar no es constante a lo largo de los años. No hay más que comparar la población española hace unos años (con un porcentaje de inmigrantes baja) y la actual (con una elevada cantidad de inmigrantes de muy diferentes partes del mundo). Pero cabe destacar también que las diferencias entre las distintas poblaciones son mínimas cuando hablamos de ADN nuclear autosómico, por lo que la valoración de la prueba no cambiará mucho sea cual sea la población de referencia.

Por otro lado, la población de referencia elegida tiene un gran impacto cuando hablamos de ADN mitocondrial o ADN localizado en el cromosoma Y, pues las diferencias entre poblaciones son marcadas. Así, un tipo mitocondrial puede ser muy frecuente en una población y muy poco frecuente (o incluso inexistente) en otra población diferente. Por ello, en estos casos, el juez debe indicar cuál es la población de referencia más apropiada para el caso que se está analizando, pues el LR variará mucho según la población que se utilice como referencia.

Cabe también destacar que puede ocurrir que la población de interés para el caso no sea una población abierta, sino un grupo concreto de individuos. Pongamos un ejemplo sencillo. Imaginemos un delito de atropello cometido por un vehículo en el cual viajaban dos individuos (A y B). Tras haber cometido el atropello el vehículo se da a la fuga. Imaginemos también que tras las investigaciones policiales y judiciales se localiza el coche y a los dos individuos, quienes reconocen que viajaban en el coche, pero el individuo A acusa al B de ser el conductor y viceversa. Tras la inspección técnico-policia en el coche se recogen unos fragmentos de cabello adheridos a la parte interna del parabrisas del lado del conductor, justamente en unas grietas producidas en el cristal por el impacto del conductor contra la cara interna del parabrisas al atropellar a la víctima. Una vez analizado el ADN mitocondrial de los fragmentos de cabello se comprueba que coincide con el ADN mitocondrial del individuo A y que no coincide con el ADNmt del individuo B. Pues bien, si el perito desconoce la pregunta concreta del juez y todas las circunstancias del caso mencionadas, su valoración de la prueba se realizará bajo las siguientes hipótesis:

*H<sub>p</sub>: los cabellos encontrados en la cara interna del parabrisas pertenecen al sospechoso A o a uno de sus familiares maternos (ya que el ADN mitocondrial no permite diferenciar individuos emparentados matrilinealmente).*

*H<sub>d</sub>: los cabellos encontrados en la cara interna del parabrisas NO pertenecen al sospechoso A ni a ningún individuo del linaje materno del sospechoso A, sino a otro linaje al azar de la población española.*

La prueba valorada bajo estas dos hipótesis resultará en un LR de decenas, cientos o miles a favor de H<sub>p</sub> (según la frecuencia de ese tipo mitocondrial en la población española). Sin embargo, la valoración de la prueba puede ser muy diferente si el juez concreta la pregunta y define sus hipótesis. Así, si el juez quiere saber si los fragmentos de cabello pertenecen al individuo A o al B porque por otros medios de prueba sabe que sólo ambos iban en el coche y porque sabe que los cabellos adheridos al parabrisas son resultado del impacto, las hipótesis podrían ser:

*H<sub>p</sub>: los fragmentos de cabello pertenecen al individuo A (sus familiares maternos están descartados porque está demostrado que no iban en el coche)*

*H<sub>d</sub>: los fragmentos de cabello pertenecen al individuo B (sus familiares maternos están descartados porque está demostrado que no iban en el coche)*

En este caso, bajo esos dos supuestos, el perito puede asegurar que los cabellos pertenecen al individuo A, ya que el mitocondrial evidenciado en los mismos coincide con éste y es distinto del ADNmt del individuo B. Es decir, la población de referencia en este caso es cerrada y se reduce sólo a los individuos A y B, lo cual permite al perito identificar plenamente. Con este ejemplo vemos lo diferente que puede ser la valoración de la evidencia ante un mismo resultado en el análisis del laboratorio.

Somos conscientes de que hay otros aspectos de la población de referencia a los que no se ha aludido en profundidad en este artículo (la subestructura poblacional, las poblaciones endogámicas, las poblaciones no estudiadas); pero consideramos que el juez puede tener ya una idea de la influencia que éste parámetro tiene con lo que se ha

descrito en este apartado. Sin embargo queremos resaltar que es muy importante la comunicación entre el perito y el jurista con el fin abordar todas las cuestiones sobre la población de referencia no explicadas aquí que puedan influir en cada caso en particular.

## **VIII. LA COMUNICACIÓN DE LOS RESULTADOS AL JUEZ**

El análisis de la evidencia en el laboratorio biológico implica no sólo la obtención del perfil genético, sino que en numerosas ocasiones es crucial establecer el tipo de resto o fluido biológico del cual se obtuvo ese perfil genético (sangre, semen, saliva). El tipo de test que nos permite conocer la naturaleza de un resto biológico se denomina prueba preliminar porque se realiza antes del análisis de ADN. Actualmente existen limitaciones en la determinación de los tipos de restos biológicos y sólo es posible establecer con certeza si una mancha contiene sangre o semen (la saliva presenta algunos problemas). No somos capaces de establecer de forma científica si en una prenda hay restos epiteliales producidos por el roce con la piel, aunque sí se puede suponer que los hay de una forma intuitiva si la prenda presenta aspecto de haber sido usada. No obstante, los avances técnicos son veloces y en un futuro no muy lejano seremos capaces de determinar la naturaleza de un resto biológico con más precisión; e incluso llegaremos a diferenciar, por ejemplo, sangre periférica de sangre menstrual a partir de muestras mínimas, pues ya es posible hacerlo cuando la mancha en cuestión tiene un cierto tamaño<sup>11</sup>.

También cabe recordar aquí que desgraciadamente somos incapaces de datar la antigüedad de un resto biológico. Por tanto, un perfil genético encontrado en la escena puede haber llegado allí antes de que se cometiera el delito, durante la comisión del mismo o tras haberse producido el hecho delictivo si no se ha podido proteger la escena de forma adecuada o si no se pudo acordonar la zona desde los primeros momentos. El genetista forense no puede dar una respuesta científica a la data de la muestra en la actualidad, especialmente si no es de sangre<sup>12</sup>. Simplemente puede opinar sobre este tema según su experiencia. Por ejemplo, se podría afirmar que si el delito se cometió en un lugar abierto y se detecta en la escena una mancha con aspecto de vitalidad y con muy buenos resultados analíticos, probablemente la mancha lleva poco tiempo allí, pues si fuera muy antigua, al estar a la intemperie, tendría otro aspecto y los resultados del análisis genético no serían tan buenos. Pero se trata simplemente de una opinión basada en la experiencia, y en ningún caso podría tratarse esta declaración como si fuera un peritaje científico.

En cualquier caso toda la información que sobre la naturaleza de la mancha se pueda añadir (a favor o en contra de la culpabilidad) es complementaria al valor de la

---

<sup>11</sup> Es muy interesante poder hacer esta distinción en la casuística diaria. Hay casos en los que el sospechoso reconoce y admite que hay sangre de la víctima en su entorno (por ejemplo en la tapicería de su coche) argumentando que tuvieron una relación sexual consentida y que la sangre encontrada es sangre menstrual. El hecho de poder diferenciar la sangre de una herida de la sangre menstrual es fundamental en estos casos.

<sup>12</sup> Existen tablas clásicas que relacionan la coloración de las manchas de sangre con el paso del tiempo (según contenido en hemoglobina, meta-hemoglobina y sus derivados), pero no son muy exactas pues la coloración que puede tomar una mancha de sangre depende también de las circunstancias ambientales a las que ha estado sometida.

prueba de ADN que el perito emite de forma aséptica, en forma de LR, independientemente de otros hallazgos o pruebas.

Por otro lado, muchas veces se pide al perito que exprese semánticamente cual es el valor de la prueba, pero no existe ningún estándar científico para determinar cuándo un valor de probabilidad concreto equivale a casi certeza. Aunque en pruebas de paternidad se ha considerado por la doctrina de nuestro Tribunal Supremo (de acuerdo con unos antiguos “predicados verbales” del estadístico alemán Hummel), que una probabilidad de paternidad superior al 99,73% en la prueba biológica equivale a una paternidad prácticamente probada, esto es una apreciación errónea. En primer lugar, no hay ningún estándar estadístico que corresponda a esta definición (ese valor es una mera convención) y, en segundo término, compete al juez y no al perito estimarlo y valorarlo conjuntamente con otras pruebas.

Imaginemos que vamos a juzgar a alguien por hacer trampas en el juego, ya que utiliza una moneda trucada. Vamos a lanzar la moneda (sería como los marcadores genéticos en la prueba de ADN) como prueba de la falta. ¿Cuántas caras seguidas hacen falta para decir que la moneda está trucada? ¿5, 10, 20, 50? No hay ningún estándar científico que nos diga cuántas. El perito no puede decir: “Por encima de 10 caras seguidas es prácticamente probado que el acusado hizo trampas”. Precisamente esa es la labor del juez.

## **IX. CONCLUSIONES**

Prácticamente tan importante como la revolución que ha producido en el campo forense el estudio del ADN, ha sido el dar el paso de cuantificar estadísticamente el valor de la prueba científica.

No todas las pruebas forenses, ni en todas las pruebas incluso de genética forense podemos dar un valor de probabilidad, pero cuando lo podemos dar (que es en la mayoría de los casos de las pruebas de ADN), pasamos de lo que llamamos “opinión de un experto” a lo que denominamos “evidencia científica”; es decir alcanzamos unas conclusiones cuya incertidumbre –inherente siempre a cualquier opinión- puede ser objetivamente calculada.

El valor de la opinión de un experto depende de muchos factores, entre ellos la cualificación y experiencia del mismo. En una evidencia científica el valor de la opinión es siempre objetivable y cuantificable.

El valor de probabilidad que se puede alcanzar con la prueba de ADN es habitualmente muy elevado pero en algunas ocasiones no tanto, y es esencial que los peritos calculen y comuniquen al juez ese valor correctamente, y del mismo modo es esencial que lo jueces lo entiendan correctamente y lo puedan valorar de forma adecuada en el conjunto de las pruebas. La valoración correcta de la prueba contiene muchos matices, como la población de referencia, el uso en algunos tipos de pruebas, de valores de probabilidad *a priori* y es especialmente fácil caer en paradojas lógicas que llevan a una mala interpretación.

Por eso no se puede valorar la prueba sin una preparación adecuada y por ello es clave el entrenamiento de los peritos tanto en el cálculo correcto de la probabilidad

como en su comunicación; y por parte de los juristas, y especialmente por parte de los jueces, es fundamental que interpreten adecuadamente el valor que el perito les ofrece y que sepan cómo incorporarlo de forma correcta a otras pruebas para la toma final de una decisión.

Solo así y trabajando conjuntamente peritos y jueces podremos conseguir sacar el máximo partido de una prueba tan eficaz en tantos casos penales y civiles.