

Capítulo 18.

EL VALOR DE LA PRUEBA DE ADN

Lourdes Prieto¹, Ángel Carracedo¹

¹ Grupo de Medicina Xenómica. Instituto de Ciencias Forenses. Universidade de Santiago de Compostela.

Autor para correspondencia: lourdes.prieto@usc.es

18.1. INTRODUCCIÓN

Considerar que un experto lo es sólo basándose en los años de experiencia que posee es muy poco científico. Sin quitarle mérito a ésta, se pueden llevar muchos años analizando casos, pero si en todo ese tiempo no se hizo adecuadamente, el número de pericias realizadas tiene realmente poco valor. El pensamiento moderno ha recorrido un largo camino y hoy en día no se considera que la fuente de conocimiento sea únicamente la experiencia. Más bien, se considera que un experto tiene los conocimientos necesarios si basa sus análisis en datos científicos y usa el razonamiento para alcanzar conclusiones.

La prueba de ADN es actualmente una de las pruebas forenses que más credibilidad tiene en los tribunales (1), debido principalmente a su carácter objetivo y eminentemente científico. Su éxito se debe no sólo a los adelantos tecnológicos que esta especialidad sufre vertiginosamente, sino a que los expertos que la realizan son conscientes de que tienen que evaluar los resultados obtenidos basándose en el conocimiento y no sólo en la experiencia y en las opiniones. A pesar de que es indudable que los avances técnicos en el campo de la genética forense han revolucionado la forma de investigar los hechos delictivos, no debemos deslumbrarnos por ellos; muy al contrario, debemos conocer sus limitaciones y hasta qué punto la prueba científica puede ayudar a esclarecer los hechos.

18.2. CÓMO VALORAR LOS RESULTADOS DE LA PRUEBA DE ADN: CONCEPTO DE LR

Imaginemos que alguien quiere ir andando de un lugar a otro y nos pregunta sobre la distancia que hay entre ambos sitios. Si somos personas acostumbradas a andar podríamos contestar que están muy cerca, pero si tenemos un problema en la cadera, nos puede parecer que la distancia es mayor. En cualquier caso, ambas respuestas (cerca o lejos) están influidas por nuestra percepción y opinión. Sin embargo, si ofrecemos el dato exacto con una respuesta numérica, por ejemplo "2 km", nuestra opinión no está influyendo en absoluto en la valoración de la distancia. Hay estándares para tiempos, pesos, medidas y también para valorar la incertidumbre de un suceso que es la probabilidad y ésta es la que utilizamos para evaluar los resultados de la prueba genética de ADN.

El perito forense puede evaluar los resultados de su analítica desde dos puntos de vista contrarios (desde la perspectiva de la acusación y desde la perspectiva de la defensa), mediante un cociente llamado Razón de verosimilitud o LR (del inglés Likelihood Ratio); este es el método de valoración más aceptado hoy en día, pues las sociedades internacionales más importantes lo han recomendado (2) (3). Para calcular un LR es necesario enunciar al menos dos hipótesis sobre los hechos que deben ser excluyentes (si una es cierta, la otra debe ser falsa), por ejemplo:

Ha (hipótesis de la acusación) = el perfil genético hallado en la escena del crimen pertenece al acusado

Hd (hipótesis de la defensa) = el perfil genético hallado en la escena del crimen NO pertenece al acusado¹.

El LR nos mide la probabilidad de haber obtenido los resultados genéticos en la escena del delito y en 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 si suponemos que el acusado es el donante en comparación al supuesto de que otro individuo sea el donante de ese perfil genético hallado en la escena del delito. Y se formula de la siguiente forma:

$$LR = \frac{P(E|Ha)}{P(E|Hd)} = \frac{\text{probabilidad de obtener los resultados de la prueba genética suponiendo que el perfil pertenece al acusado}}{\text{probabilidad de obtener los resultados de la prueba genética suponiendo que el perfil NO es del acusado}},$$

siendo E = evidencia (el resultado genético en la muestra hallada en la escena y en la muestra biológica del acusado), P = probabilidad y el símbolo “|” = suponiendo.

Supongamos que el perfil genético hallado en la escena coincide perfectamente con el perfil hallado en la muestra indubitada del acusado. Evidentemente, bajo el supuesto de que el acusado dejó su perfil (Hp), encontraremos ese perfil en la escena 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 él es el donante. Por tanto, el numerador del LR será 1 en este caso: $P(E|Hp) = 1$.

Pero bajo el supuesto de que el perfil de la escena NO pertenece al acusado, la probabilidad de la evidencia cambia. Si el perfil 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 en 5 de cada 10 millones, es decir $5/10.000.000 = 0,0000005$). Por tanto, el denominador del LR será en este ejemplo: $P(E|Hd) = 0,0000005$. Ahora sólo tenemos que calcular el LR total: $LR = 1/0,0000005 = 2.000.000$.

Pero ¿qué significa realmente este resultado? Significa que es 2 millones de veces más probable hallar el perfil genético encontrado en la escena si suponemos que lo dejó el acusado (Hp) que si suponemos que lo dejó otra persona (Hd). Es decir, la prueba muestra un resultado a favor de la hipótesis de la acusación (2 millones de veces más a favor de la acusación respecto a la defensa).

Como hemos visto el LR es una función de las frecuencias alélicas, y éstas se estiman a partir del estudio de una muestra finita de individuos de tamaño N. Así que en realidad, no conocemos las frecuencias reales de los alelos en cada población, ya que el sólo hecho del muestreo implica un error, pues sólo se ha estudiado a un grupo de individuos. Por otro lado, el cálculo del LR también implica una serie de asunciones como: que no existe desequilibrio

¹ Este enunciado se ha simplificado con el fin de hacer entendible la explicación, pero en realidad, si el acusado NO dejó su perfil genético en la escena, en la hipótesis de la defensa se debe definir con más precisión quién lo pudo haber dejado: ¿un individuo al azar de la población?, ¿de qué población?, ¿española?, o ¿un individuo relacionado familiarmente con el acusado?

de ligamiento entre los marcadores analizados (esto es que sus frecuencias se pueden tratar de forma independiente) o que los individuos analizados pertenecen a la población muestreada para la estimación de las frecuencias alélicas. Por tanto, el valor del LR tampoco será el real, sino sólo una aproximación, y por ello proponemos que se dejen de utilizar cifras exactas en los informes periciales, pues incluso a veces se reportan los decimales cuando la cifra es del orden de millones o billones. Esto puede crear la falsa sensación de que el LR obtenido es muy exacto. Informar simplemente del orden de magnitud obtenido en el cálculo puede ser una solución.

El LR puede tomar valores desde 0 hasta infinito. Cuando el valor del LR es mayor que 1, la prueba genética apoya la hipótesis de la acusación, y más la apoya cuanto mayor que 1 sea el resultado. Y cuando el LR es menor que 1, la prueba genética 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 de la acusación), pero 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 (ADN mitocondrial o ADN localizado en el cromosoma Y); estos otros tipos de ADN no tienen un poder de discriminación tan elevado. La European Network of Forensic Science Institutes (ENFSI) ha publicado una guía (4) para estandarizar y mejorar la comunicación de los resultados estadísticos en los informes periciales. Se sugiere aquí que se traduzca el significado del valor del LR con los llamados predicados verbales, es decir diferentes frases explicativas (según el valor del LR) que describan si se trata de un valor elevado o moderado. En cualquier caso, esta decisión es controvertida y muchos genetistas opinamos que es dar un paso atrás en la comunicación de resultados, es un grave error porque induce a malinterpretaciones y, finalmente, mezcla de algún modo los papeles de juez y perito.

En ningún caso el LR nos dice si una hipótesis es cierta o no, sólo nos dice si una hipótesis es más probable que otra y nos cuantifica cuánto más probable es. Pero puede darse el caso de que las dos hipótesis que estemos contrastando sean falsas. Un claro ejemplo sería un caso de paternidad en el que enunciemos las hipótesis "H1: el señor X es el padre biológico del bebé" vs. "H2: otro individuo al azar de la población es el padre biológico del bebé", y sin embargo el padre real del bebé sea un hermano del señor X, que no es un individuo al azar de la población.

Hay que señalar también que hay hipótesis que pueden ser indistinguibles a través del cálculo del LR. Imaginemos que queremos saber si a la muestra de una escena ha contribuido el padre o el hijo de un individuo A que hemos analizado. Las dos hipótesis: "el donante es el padre de A" y "el donante es un hijo de A" nos darían el mismo valor de LR.

Recientemente, el Grupo de Habla Española y Portuguesa de la International Society for Forensic Genetics (GHEP-ISFG) ha publicado una completa guía para formular y comunicar los resultados de las pruebas genéticas que ayuda mucho a estandarizar cómo reportar los resultados de la prueba genética ante los Tribunales tanto para casos de parentesco como para casos de criminalística (5). Consideramos que esta guía es de gran ayuda y recomendamos su lectura.

18.3. LAS VALORACIONES CUALITATIVA Y CUANTITATIVA DE LA PRUEBA BIOLÓGICA

La valoración de la prueba desde el punto de vista estadístico no es ni mucho menos un campo estático en el que todo está hecho. Muy al contrario es un área de investigación tremendamente activa, tanto que es difícil para un genetista forense poder seguir todos los avances publicados (el número de artículos es elevado y las revistas a consultar son muy diversas).

Inicialmente, la interpretación estadística de perfiles genéticos consideraba sólo la presencia de alelos en el electroferograma (ver capítulos 7 y 8), pero actualmente también es posible tener en cuenta la información que proporcionan las alturas/áreas alélicas (ver Fig. 18.1). Si repasamos la evolución de la interpretación desde sus inicios hasta la actualidad, podemos categorizar principalmente dos tipos de modelos:

- Modelos cualitativos: en los cuales sólo se considera la presencia / ausencia de alelos. Pueden ser binarios o no binarios, dependiendo de si se evalúa o no la posibilidad de pérdidas o ganancias alélicas.
- Cuantitativos: se tiene en cuenta la información que proporcionan las alturas/áreas alélicas.

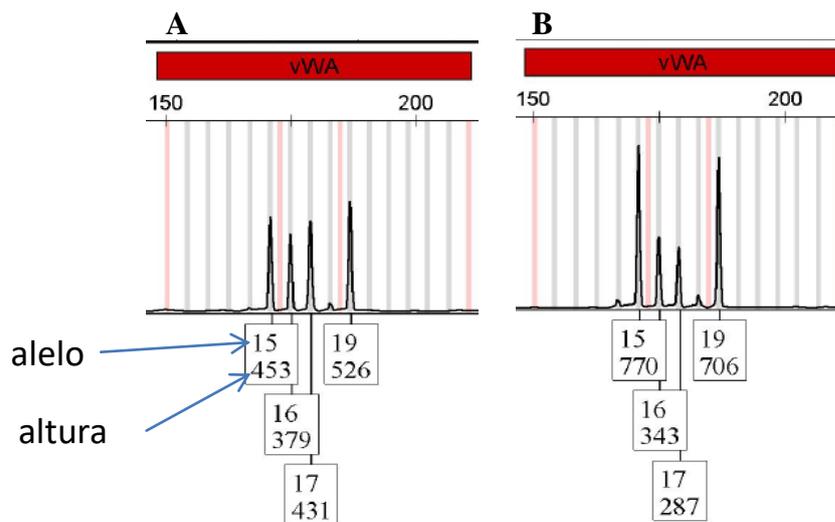


Figura 18.1. Electroferogramas mostrando resultados en el marcador VWA (alelos 15-16-17-19 en ambos casos, pero alturas alélicas distintas). Los modelos cuantitativos consideran ambos resultados como idénticos. Los modelos cualitativos, al tener en cuenta las alturas alélicas, consideran ambos resultados de forma diferente: en el panel B, la combinación de más probable de genotipos de los contribuyentes es 15-19 y 16-17.

18.3.1. LR cualitativo binario

El término "binario", hace referencia a los dos valores que puede tomar el numerador del LR (0 o 1) dependiendo de si existe coincidencia o no con un perfil indubitado. Así, en este tipo de valoraciones de la prueba, se utilizan dos términos que hoy en día parecen estar algo obsoletos: (i) "inclusión" o "no exclusión", cuando el perfil genético de la muestra de la

escena del delito coincide con el de la muestra indubitada y (ii) “exclusión”, si el perfil genético de la muestra de la escena no coincide con el perfil genético de la muestra de referencia (ver Fig. 18.2).

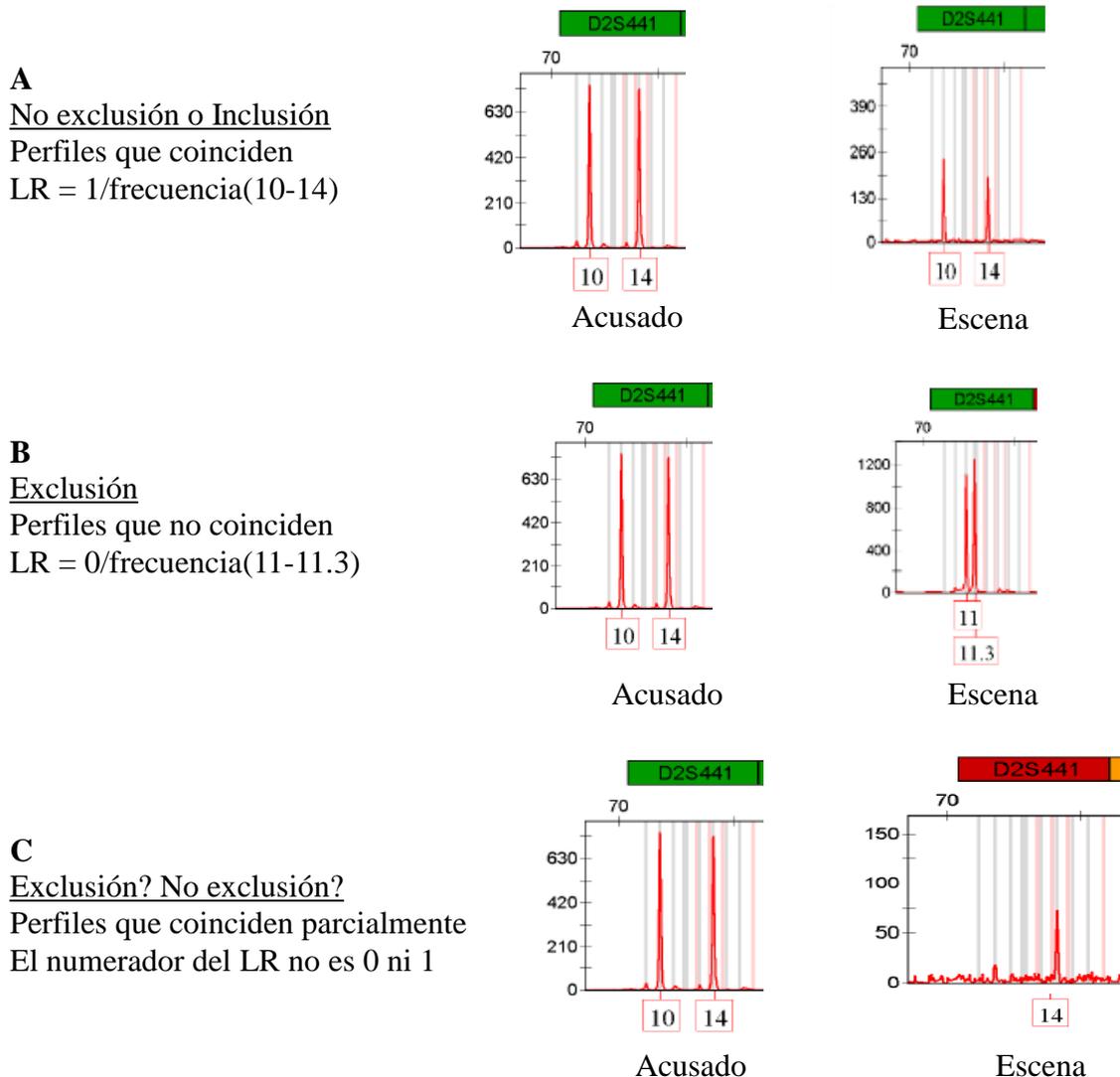


Figura 18.2. Ejemplos de cálculo del LR en situaciones de coincidencia / no coincidencia entre el perfil genético de referencia (acusado) y el perfil genético hallado en la escena. (Fuente: Prieto y cols., 2014)

En el primer caso el LR se calcula como hemos visto en el apartado anterior referente al concepto de LR (Fig. 18.2A). En el segundo caso ni siquiera se realizaba el cálculo del LR, ya que se aseguraba que el perfil genético hallado en la muestra tomada de la escena del delito no podía proceder del acusado. Pero si quisiera calcularse el LR se podría hacer (Fig. 18.2B): bajo el supuesto de que el acusado dejó su perfil en la escena (H_a), el perfil genético que aparece en la muestra de la escena no puede haber sido aportado por él, es decir, no puede aparecer en esta muestra un perfil genético distinto al del acusado y por tanto, el numerador del cociente del LR será 0 en este caso: $P(E|H_a) = 0$. Y el denominador del LR continuará siendo la frecuencia con la que aparece el perfil de la muestra de la escena en la población.

Pero, ¿qué ocurre cuando en la muestra de la escena se encuentra un perfil genético que no es idéntico al del acusado pero se parece al del acusado? (Fig. 18.2C) ¿es correcto obviar este resultado? ¿qué valor tomaría el LR en este caso?. Pues bien, para realizar esta valoración hay que tener en cuenta las probabilidades de que, por ejemplo, se hayan perdido alelos.

18.3.2. LR cualitativo no binarios

Este tipo de valoración de la prueba también tiene en cuenta sólo la presencia o ausencia de alelos, pero introduciendo los conceptos de drop-out alélico (pérdida de alelos en el electroferograma debidos a la escasa cantidad de ADN en la muestra) y drop-in alélico (ganancia de algún alelo que no poseen el/los contribuyente/s). Estos fenómenos se deben a los efectos que se generan por azar (llamados estocásticos) y que se producen cuando amplificamos muestras (ver Capítulo 7) con escasa cantidad de ADN (*low level DNA samples, LLDNA*): su fundamento ha sido ampliamente tratado en el capítulo 15 de este libro. Pero resumiendo, cuando analizamos muestras LLDNA, los electroferogramas (ver Capítulo 8) que obtenemos no reflejan la composición alélica real de la muestra, y por tanto el nivel de incertidumbre se incrementa debido a una serie de artefactos que pueden aparecer como el descrito de drop-out y otros como la presencia de picos extras (drop-in).

Con este tipo de valoración, ya no cabe definir los conceptos de "exclusión" o "no exclusión", pues los valores que toma el numerador del LR no serán ya 1 o 0 como ocurría en el modo binario. Ahora se incorporan en el LR parámetros como la probabilidad de drop-out ($Pr(D)$) o de drop-in ($Pr(C)$). La DNA Commission de la ISFG ha recomendado el uso de este modelo de LR (6) y hoy en día es el estándar seguido por muchos laboratorios.

No es objeto de este capítulo exponer una descripción detallada de la formulación matemática de éste método, ya que puede consultarse en las propias recomendaciones de la ISFG o en otras citas disponibles en castellano (7). Pero sí podemos hacer una breve mención a como estos modelos estiman la probabilidad de drop-out, dependiente en gran medida de la cantidad de ADN presente en la muestra. Esta estimación puede realizarse por varios métodos y diferentes programas abordan esta estima de forma distinta. Por ejemplo, LRmix y LRmixStudio (8) (9) (10) usan simulaciones Montecarlo para realizar la estima. Se generan perfiles genéticos a partir de la base de datos poblacional, se les aplican diferentes probabilidades de drop-out, y se comparan los perfiles resultantes con el perfil de la evidencia que se está evaluando en cuanto al número de alelos detectados. Así, se estima el rango de probabilidades de drop-out más plausibles, que serán las que hayan generado perfiles con el mismo número de alelos que el perfil de interés (11).

18.3.3. LR cuantitativo

Teóricamente, en este modelo de LR se tendrían en cuenta todas las señales que aparecieran en un electroferograma, pero en la práctica se establece un umbral de detección (r_{fus}) mínimo a partir del cual se tienen en cuenta las señales, con el fin de reducir la influencia del ruido de fondo. Este modelo es más preciso y completo que los modelos cualitativos.

Con este modelo podemos aprovecharnos de la información que nos ofrecen las alturas de los picos alélicos, permitiendo en muchos casos incluso deducir con bastante precisión los posibles genotipos de cada contribuyente en los casos de mezclas (proceso llamado en inglés

"deconvolution"). Esto representa una gran ventaja respecto a los modelos cualitativos, ya que podemos inferir sólo los genotipos más probables de los contribuyentes a las mezclas, en lugar de cualquier combinación de genotipos como ocurre en el caso de los modelos cualitativos. Una de las aplicaciones más directas y valiosas se produce cuando queremos realizar una búsqueda en una base de datos nacional, pues podemos evitar obtener un elevado número de falsas coincidencias si tenemos en cuenta la información que nos proporciona las alturas de los picos alélicos.

Por otro lado, en casos de muestras con ADN degradado, la eficacia de la amplificación de los marcadores de mayor tamaño es menor que la de los marcadores más cortos. Este hecho se refleja perfectamente en los electroferogramas, con alturas alélicas menores en los marcadores más grandes. Los modelos cualitativos también tienen en cuenta este hecho y con ellos se puede chequear si el resultado particular de un caso se ajusta a un modelo de degradación.

La filosofía que hay detrás de los modelos cuantitativos se basa en que la distribución de las alturas alélicas que presenta un electroferograma se ajusta a una distribución estadística concreta con cierta probabilidad, por ejemplo a una distribución normal o a una distribución gamma. Es decir, usamos un modelo estadístico para describir el comportamiento de la distribución de las alturas alélicas del electroferograma que queremos evaluar. Modelar estadísticamente es una forma simplificada y formalizada matemáticamente de aproximarnos a la realidad (la que genera nuestros datos) y nos sirve para hacer predicciones a partir de esa aproximación (por ejemplo, cómo variarían las alturas alélicas si el ADN estuviera degradado). Los modelos estadísticos implican dos tipos de variables:

- a. Variables explicativas: las que usamos para explicar un resultado (ej., stutter, degradación, drop-out, etc.)
- b. Variables dependientes: las que queremos describir, explicar o predecir (ej. genotipos de los contribuyentes a la evidencia en una mezcla)

Ambas variables están vinculadas por una ecuación matemática (lo que llamamos modelo) que implica algunos parámetros. Se puede entender mejor con un ejemplo: la variable explicativa "degradación" está vinculada a la variable dependiente "alturas alélicas en el electro", que nos dan finalmente el genotipo/s, mediante el parámetro "pendiente" (que representa cómo varían las alturas en el electro desde los marcadores de mayor a menor tamaño).

Afortunadamente existe hoy en día software gratuito que nos asiste a la hora de realizar todas estas inferencias (ver sección 18.5 sobre software). Conceptualmente, con su ayuda podemos comparar las alturas esperadas bajo las hipótesis que contrastamos con las alturas detectadas en el electro y así seleccionar los parámetros en el modelo estadístico de tal forma que las alturas observadas sean explicadas de la mejor manera por el modelo.

18.4. REFLEXIONES SOBRE EL ESTABLECIMIENTO DE HIPÓTESIS

La interpretación de los perfiles de ADN de origen desconocido depende de las circunstancias del caso, lo cual se aborda en las hipótesis que recogen tanto la perspectiva de la acusación como de la defensa (normalmente que el perfil desconocido pertenece a una persona de interés, bien sea víctima o acusado en el caso de la fiscalía, y que el perfil anónimo pertenece

a otra persona de la población que no está relacionada genéticamente con la persona de interés). Por tanto, debieran ser la acusación y la defensa quienes establecieran las hipótesis a contrastar en la valoración de la prueba. De hecho eso sería lo ideal, pues son las partes las que mejor conocen las circunstancias del caso. Sin embargo, en la práctica rara vez el genetista recibe de manera formal las hipótesis que debe contrastar para evaluar su prueba; en realidad el genetista forense valora la prueba con las hipótesis que cree que pueden ser más lógicas para el caso en estudio, teniendo en cuenta la información de la que dispone, que a veces es bastante limitada.

En cualquier caso, el perito debe enunciar las hipótesis utilizadas para la valoración de la prueba de la forma más clara y concisa, y por supuesto éstas deben incluirse en el informe pericial. El peso de la prueba asignada por el científico depende críticamente de las hipótesis y es responsabilidad del científico informar a todas las partes al respecto. No es admisible incluir sólo el valor del LR en el informe pericial, ya que este índice puede calcularse a partir de varias hipótesis, es decir, para un mismo resultado en la prueba genética, existen varios valores de LRs.

Cabe señalar que tanto la acusación como la defensa en realidad podrían solicitar al genetista forense diferentes valoraciones teniendo en cuenta diferentes hipótesis. Por ejemplo, podría ser de interés para el caso que se valorara la posibilidad de que un perfil hallado en la escena procediera realmente de un hermano del acusado, y no de una persona al azar de la población. O si se tratara de una mezcla de perfiles genéticos, se podrían suponer varias hipótesis, por ejemplo, que la víctima participara o no participara en la mezcla, que en la mezcla participaron 3 individuos en lugar de 2, que existe una relación familiar entre los donantes, etc.

Se ha de tener en cuenta también que las hipótesis pueden ser de naturaleza provisional, ya que podrían ser sustituidas por otras a medida que la investigación avanza o se genera nueva evidencia. Así, es posible que las hipótesis enunciadas en un informe pericial queden obsoletas con posterioridad, cuando el caso ya se esté juzgando. Por tanto es necesario que haya cierta comunicación entre el perito y las partes; a menudo, las oportunidades de comunicación se producen únicamente en el acto del juicio oral. Y el perito puede aclarar en ese acto qué hipótesis ha utilizado para valorar la prueba y puede comunicar que es posible realizar la valoración usando otras hipótesis si el Tribunal así lo considera.

18.4.1. Establecimiento de hipótesis en los casos de mezclas

El aumento en la sensibilidad de las técnicas de análisis de perfiles genéticos ha llevado a un aumento en el número de casos donde se evidencia una mezcla procedente de dos o más personas en la muestra biológica cuestionada.

La característica principal al valorar una mezcla de ADN es el aumento de la incertidumbre en comparación con la valoración de muestras procedentes de un único contribuyente. Es cierto que ciertos perfiles individuales pueden presentar complejidad en su interpretación si proceden de ADN degradado o muestran drop-out/in. Pero en mezclas hay que añadir además la incertidumbre en cuanto al número de contribuyentes, a las cantidades relativas con las cuales contribuyeron a la mezcla y a las posibles combinaciones de los genotipos que pudieron formar esa mezcla. El establecimiento de hipótesis requiere tener en cuenta una serie de factores y por tanto conlleva una serie de decisiones:

18.4.1.1. Número de contribuyentes

Normalmente el experto establece el número de contribuyentes teniendo en cuenta el número de alelos por marcador. Sin embargo hay siempre incertidumbre en esta práctica, pues el número de alelos por marcador no sólo depende del número de contribuyentes, sino que también depende de la cantidad de drop-out y del número de alelos compartidos por los donantes (12).

El criterio basado en el número de alelos detectados por marcador es aplicable a muestras sin drop-out/ drop-in, pero no es muy válido en muestras LLDNA. La estimación del número de contribuyentes a una muestra es todo un desafío cuando la cantidad de drop-out alélico es desconocida. Hoy en día es posible valorar la prueba permitiendo incertidumbre en el número de contribuyentes (13) (14). Ya hace unos años se estimó el efecto que puede tener el número de contribuyentes en la valoración de una mezcla (15) (16), y en la actualidad incluso se puede establecer el número de contribuyentes más probable asignando incertidumbre a esa estima (17).

Por otro lado si el número de alelos compartidos por los donantes a una mezcla es muy elevado, la estima del número de contribuyentes por el número de alelos no será fiable. Un caso extremo sería una mezcla formada por un trío padre-madre-hijo, en la que el número de alelos distintos por marcador nos llevaría a pensar que se trata de una mezcla de dos personas, cuando en realidad han sido tres los contribuyentes.

En cualquier caso, el perito puede establecer el número de contribuyentes siempre que razone su elección. Se puede aclarar en el informe que se ha elegido el número mínimo de contribuyentes para formular las hipótesis y recalcar que en las hipótesis se ha supuesto que los contribuyentes no están emparentados. Las circunstancias del caso también pueden ayudarnos a establecer el número de contribuyentes (agresión sexual por parte de un solo individuo sin relaciones consentidas anteriores por parte de la víctima, agresión múltiple, pelea entre dos o varios individuos, etc.). Si la información asociada al caso no ayuda al establecimiento de las hipótesis es muy positivo valorar la mezcla variando el número de contribuyentes y que esta información quede archivada en la carpeta del caso (análisis exploratorio).

Al contrario de lo que pueda parecer, no se requiere que el número de contribuyentes sea el mismo en las dos hipótesis que se están comparando, si bien es verdad que no todo el software disponible permite realizar estas comparaciones, principalmente debido al esfuerzo de cómputo que esto supone.

18.4.1.2. Perfiles que no se cuestionan

A menudo ocurre que la presencia de un perfil en una mezcla sea indiscutible tanto para la acusación como para la defensa (el perfil de tal individuo se conoce como perfil condicionante). Si uno o más perfiles son indiscutibles para ambas partes, se reduce en gran medida la complejidad de los cálculos y en consecuencia se mejora el nivel informativo del resultado.

El establecimiento de perfiles no cuestionados resulta evidente en algunas circunstancias. Por ejemplo, cuando una mezcla procede de una toma vaginal en un delito de agresión sexual, no

parece razonable dudar que el perfil de la víctima esté presente y por ello podrá establecerse que la víctima ha contribuido con su perfil en ambas hipótesis. En otros casos, aunque la mezcla no proceda de una toma corporal, también podrá establecerse qué perfil no se cuestiona a partir de las circunstancias del caso. Por ejemplo, si aparece un cuchillo manchado de sangre al lado de un cadáver apuñalado y en el mango se detecta una mezcla compatible con el perfil de la víctima, parece razonable asumir que su sangre estará ahí. No hacerlo podría ser ilógico y poco realista, pues ni el fiscal ni la defensa cuestionarán que la víctima haya contribuido a la mezcla.

18.4.1.3. Perfiles que se cuestionan en casos de múltiples agresores

Si nos encontramos ante una mezcla compatible con dos acusados S1 y S2 en un caso de este tipo, está claro que a ambas partes, fiscalía y defensa, les interesa que ambos perfiles sean valorados. Podemos tener la tentación entonces de establecer las siguientes hipótesis:

Ha: la mezcla procede de S1 y S2

Hd: la mezcla procede de otros dos individuos al azar de la población española, no relacionados genéticamente entre sí, ni con S1 y S2.

Sin embargo, no debemos esperar que las defensas de S1 y S2 tengan el mismo punto de vista, pues es perfectamente posible que la defensa de S1 reclame su inocencia pero quiera implicar a S2. El problema aquí es que estamos utilizando un marco de dos hipótesis únicas en un caso donde hay potencialmente varias propuestas de defensa (18).

Por otro lado, si la mezcla es parcial y desequilibrada, parecería incorrecto asignar el mismo peso probatorio a ambos acusados, particularmente si el genotipo de uno coincide con el perfil claramente mayoritario, mientras que el genotipo del otro coincide parcialmente con alelos que aparecen cerca del umbral analítico.

Por tanto, el perito debe ser consciente de la gama de alternativas que hay en estos casos, y al menos debe considerar las siguientes hipótesis:

Ha1: la mezcla procede de S1 y otra persona al azar de la población española, no relacionada con S1

Ha2: la mezcla procede de S2 y otra persona al azar de la población española, no relacionada con S2

que serán contrastadas por separado con:

Hd: la mezcla procede de otros dos individuos al azar de la población española, no relacionados genéticamente entre sí, ni con S1 y S2.

En la Figura 18.3 se muestra un ejemplo de cómo varía el valor del LR suponiendo diferentes pares de hipótesis y diferente número de contribuyentes, en un caso en el que intervienen una víctima V y dos acusados S1 y S2.

| Select | Name | Replicate | Suspect1 | Suspect2 | Victim | Distinct Alleles |
|-------------------------------------|------------|---------------|--------------|---------------------|--------------|------------------|
| <input checked="" type="checkbox"/> | Epithelial | | | | | |
| <input type="checkbox"/> | AMEL | X Y | X Y | X Y | X Y | 2 |
| <input checked="" type="checkbox"/> | D3S1358 | 14 16 17 | 16 17 | <u>15</u> 17 | 14 16 | 3 |
| <input checked="" type="checkbox"/> | VWA | 16 17 18 19 | 16 18 | 18 19 | 17 19 | <u>4</u> |
| <input checked="" type="checkbox"/> | D16S539 | 11 12 13 15 | 12 13 | 12 12 | 11 15 | <u>4</u> |
| <input checked="" type="checkbox"/> | D2S1338 | 17 19 20 | 19 20 | 17 <u>18</u> | 17 <u>24</u> | 3 |
| <input checked="" type="checkbox"/> | D8S1179 | 9 10 13 14 | 9 13 | 13 13 | 10 14 | <u>4</u> |
| <input checked="" type="checkbox"/> | D21S11 | 29 31 32 | <u>28</u> 32 | <u>30</u> <u>30</u> | 29 31 | 3 |
| <input checked="" type="checkbox"/> | D18S51 | 12 16 | 12 <u>15</u> | 12 <u>20</u> | 16 16 | 2 |
| <input checked="" type="checkbox"/> | D19S433 | 12 14 15.2 16 | 12 16 | 12 <u>15</u> | 14 15.2 | <u>4</u> |
| <input checked="" type="checkbox"/> | TH01 | 6 9.3 | 6 9.3 | 6 9.3 | 6 9.3 | 2 |
| <input checked="" type="checkbox"/> | FGA | 19 24 26 | 19 <u>21</u> | <u>20</u> <u>21</u> | 24 26 | 3 |

3 drop-out 8 drop-out 1 drop-out

| Hipótesis fiscal | Hipótesis defensa | LR |
|------------------|-------------------|------|
| V + S1 + S2 | V + U + U | E+04 |
| V + S1 + U | V + U + U | E+06 |
| V + U + S2 | V + U + U | E-05 |
| V + S1 | V + U | E+07 |
| V + S2 | V + U | E-20 |

Figura 18.3. Cálculo del LR en un caso en el que se encuentran implicados 3 individuos: V (víctima), S1 (sospechoso 1) y S2 (sospechoso 2). S2 quedaría excluido como contribuyente a la mezcla si evaluamos su contribución de forma independiente (LR = E -05), pero no quedaría excluido si lo evaluamos en conjunto con S1 (E+04).

Claramente en este caso, cuestionar la contribución a la mezcla de S1 y S2 a la vez no favorece en modo alguno a S2, pues la evidencia incluso podría explicarse como una mezcla de dos contribuyentes (V + S1). Con el análisis exploratorio (contrastando diferentes pares de hipótesis), evitamos sesgos debidos a que un individuo pueda contribuir a una mezcla con más probabilidad que otro.

18.4.1.4. Perfiles mezcla con componentes mayoritario y minoritario

Si en un perfil mezcla se puede diferenciar claramente un componente mayoritario y otro minoritario y los picos alélicos más altos coinciden exactamente con los alelos de una persona de interés, existe la tentación de establecer las hipótesis como si se tratara de un perfil individual, por ejemplo:

Ha: El contribuyente mayoritario a la mezcla es el acusado

Hd: El contribuyente mayoritario a la mezcla es otra persona al azar de la población española, no relacionada genéticamente con el acusado.

Sin embargo, esta simplificación puede no ser muy correcta, ya que estas hipótesis están evaluando sólo parte de la mezcla detectada. Taylor y cols. (14) han demostrado que los LR que evalúan los resultados del ejemplo anterior son habitualmente mucho más elevados que

los LR que se obtendrían teniendo en cuenta que la evidencia es una mezcla (efecto del número de contribuyentes o efecto N!), ya que estamos eliminando la incertidumbre asociada a las mezclas.

Por otro lado, la inferencia del perfil mayoritario de una mezcla no es fácil en muchos casos, pues suele ocurrir que las diferencias en alturas se vuelven menos evidentes a medida que el tamaño de los fragmentos de ADN crece.

18.4.2. Niveles (jerarquías) de hipótesis

Desde tiempos muy tempranos en la era del ADN, Cook y cols. (19) establecieron diferentes niveles de hipótesis en la evaluación estadística de la prueba, siendo mayor el apoyo prestado al tribunal cuanto más elevado sea el nivel de las hipótesis. Así, establecieron 3 niveles:

- a. Nivel 1, Fuente de la muestra (*source level*): hace referencia a quién es el donante de la muestra biológica y a la naturaleza del fluido del cual se ha generado el perfil genético, por ejemplo "el semen procede del acusado".
- b. Nivel 2, Actividad (*activity level*): hace referencia no sólo a quién es el donante, sino también a cómo se generó el perfil genético (cómo se transfirió el perfil genético) y por tanto van más allá de lo que es la prueba de ADN en sí. Por ejemplo, "el acusado mantuvo relaciones sexuales con la víctima".
- c. Nivel 3, Ofensa (*offence level*): hace referencia directamente al estatus de culpabilidad o inocencia de la persona que generó la muestra biológica. Por ejemplo "el acusado agredió sexualmente a la víctima". Es labor del juez determinar si el acusado cometió el delito o no, y por tanto, este nivel se escapa completamente de las competencias del perito.

Posteriormente, con el incremento de la sensibilidad en las técnicas para detectar ADN, Evett y cols. (20) propusieron un nivel más, de menor jerarquía que el nivel 1 (fuente) para evaluar simplemente quién pudo ser el donante de un perfil genético, sin tener en cuenta ni el tipo de fluido biológico de procedencia, ni la actividad que lo generó ni el estatus de culpabilidad o inocencia del donante. A este nivel se le ha denominado nivel sub-fuente (*sub-source level*) o "nivel ADN" y es el que habitualmente se aplica cuando la naturaleza del fluido biológico del cual procede el perfil es desconocido. Por ejemplo "el perfil genético procede del acusado vs. el perfil genético procede de un desconocido".

El perito no debe extralimitarse de sus funciones y debe plantear las hipótesis en los niveles más bajos de la jerarquía (niveles fuente o sub-fuente), pues son éstos los más asépticos. Sin embargo, incluso el nivel fuente puede no ser adecuado en ciertos casos, y esto ha llevado a cierto debate en los últimos años (21). Por un lado, en el cálculo del LR sólo se tienen en cuenta los datos relativos al perfil genético (su frecuencia, las posibles pérdidas o ganancias alélicas, etc.), pero no se incluye ningún valor numérico que evalúe los resultados obtenidos en las pruebas que se realizan para determinar el tipo de tejido o fluido que se está analizando. Por otro lado, la asociación directa de un perfil genético a un fluido biológico en ocasiones puede ser poco acertada. Imaginemos que detectamos una cantidad muy limitada de espermatozoides en un pañuelo de papel y que logramos obtener un perfil genético de varón tras el análisis genético. Puede ser que el perfil genético proceda del ADN de los espermatozoides, pero también puede ocurrir que no obtuviéramos ningún perfil de los espermatozoides (debido a su escasa cantidad) y que el perfil obtenido proviniera de otro tipo

de resto biológico para el cual no hay un test de detección, como mucosidad procedente de otra persona distinta a la que aportó los espermatozoides al pañuelo de papel. Las consecuencias de esta segunda posibilidad serían devastadoras para el donante de la mucosidad pues, si no se tiene en cuenta la independencia de los test genético y biológico, automáticamente se podría atribuir la presencia de su semen en el pañuelo, o incluso atribuirle la comisión de un delito de agresión sexual si se continúan haciendo asociaciones del perfil con la actividad, sólo basándose en la presencia su perfil genético en el pañuelo.

18.5. SOFTWARE

Los recientes avances en la teoría de la interpretación de la prueba han hecho imprescindible el desarrollo de software en paralelo, pues es ya imposible realizar los cálculos manualmente.

Entre el software disponible para valoraciones cualitativas encontramos LRmix (22) y su versión más moderna LRmixStudio, FST (23), LoComatioN (24) y Lab Retriever (25). Un caso especial nos lo proporciona el software relMix (26), que es muy útil para valorar mezclas en las que los contribuyentes pueden estar emparentados o para determinar relaciones de parentesco entre individuos a partir de mezclas de ADN.

El software disponible para valoraciones cuantitativas es extenso: LikeLTD (27) (28), STRmixTM (29), DNAmixtures (30), EuroForMix (31), TrueAllele^R (32), LiRaHt (33), NOCIIt (34), DNView Mixture SolutionTM (35) y Kongoh (36).

Lab Retriever, LRmix y LRmixStudio, relMix, LikeLTD, Euroformix, NOCIIt y Kongoh tienen la gran ventaja de ser abiertos (open source) y gratuitos, y por tanto se puede saber exactamente cómo funcionan, si bien unos son más completos que otros. Por ejemplo, NOCIIt sólo estima el número de contribuyentes pero no realiza genotipado probabilístico, es decir, no estima las combinaciones de genotipos más probables en la mezcla bajo las diferentes hipótesis. DNA mixture también es gratuito, pero necesita software comercial (Hugin) para poder utilizarlo. Finalmente, es difícil comparar el software libre con el comercial porque no hay suficiente información sobre éste último en la literatura, ya su carácter restringido impide que se conozcan los métodos en los que se basa.

18.6. LÍMITES EN LA INTERPRETACIÓN DE PERFILES GENÉTICOS

Si bien la posibilidad que tenemos hoy en día de poder obtener un perfil genético a partir de mínimas cantidades de ADN ha supuesto una ventaja para el análisis de muestras que en el pasado no ofrecían resultados, también es verdad que el aumento de la sensibilidad de la prueba de ADN complica la interpretación de sus resultados, tanto para los expertos como para los juristas. Esta complicación se agudiza cuando hablamos de perfiles genéticos que proceden de trazas de ADN, bien se trate de perfiles genéticos individuales o de mezclas. En la bibliografía, el término "traza de ADN" se ha referido tanto a la escasa cantidad y pobre calidad del ADN de una muestra, como a la imposibilidad de asociar el perfil genético obtenido a una fuente biológica (antiguamente denominado "ADN de contacto").

Como hemos venido describiendo en anteriores apartados, para el experto la complicación radica en el elevado nivel de incertidumbre que el perfil genético puede tener debido a los

efectos estocásticos, esto es por azar, que muestran los perfiles LLDNA, bien se trate de perfiles individuales o de mezclas. Por otro lado, para el jurista la interpretación se complica debido a que puede ocurrir que el perfil genético detectado en la escena nada tenga que ver con el delito en sí (puede haber llegado a la escena antes de que se produjera el delito, puede ser el resultado de una transferencia, puede tratarse de una contaminación...).

La labor del perito es asistir al Tribunal, y por tanto, es su obligación informar de todas las posibilidades respecto a la detección de perfiles genéticos, especialmente si proceden de trazas de ADN. La comunidad forense está realizando un gran esfuerzo tanto a nivel de investigación (son muchas publicaciones relativas a las posibilidades de contaminación y a la transferencia y persistencia de perfiles genéticos), como a nivel de comunicación de los resultados de la prueba a los tribunales, a través de publicaciones que los profesionales del derecho puedan entender (37).

18.6.1. ¿Podemos evaluar estadísticamente cualquier tipo de perfil genético?

Con el desarrollo del LR cualitativo no binario, del LR cuantitativo, y del software que permite su cálculo, teóricamente se podría valorar cualquier perfil genético por muy poca calidad que éste tenga. Existe por tanto cierta preocupación respecto a que los expertos se lancen a evaluar cualquier resultado, olvidando los estándares analíticos que debe tener un electroferograma.

Por otro lado, en 2016, el análisis de mezclas de ADN fue ampliamente discutido por el consejo asesor en ciencia y tecnología del presidente Obama, y las conclusiones se publicaron en el conocido "informe PCAST sobre ciencias forenses" (1). Quedó demostrado aquí que la interpretación de mezclas de más de tres contribuyentes tiene un gran componente de subjetividad, por no mencionar que las mezclas de múltiples contribuyentes pueden convertirse finalmente en verdaderas escaleras alélicas, con lo que es difícil descartar a cualquiera de la población como contribuyente a la misma. Por este motivo, muchos laboratorios tienen definido en sus sistemas de calidad qué mezclas son evaluables y cuáles no, así como qué software podrán usar. Un estándar bastante habitual es: mezclas de tres contribuyentes como máximo, posibilidad de evaluar parentesco entre los contribuyentes, y software que pueda analizar perfiles con efectos estocásticos.

18.6.2. Persistencia de un perfil genético

Un perfil genético puede llegar a la escena de un delito con anterioridad a que éste se cometiera, durante la comisión del mismo, o una vez que el delito ya se ha cometido. En la actualidad no existen técnicas que nos permitan saber en qué momento llegó el perfil a la escena, pues el hecho de detectar un perfil genético no depende sólo del factor tiempo² (38), sino que depende además de qué cantidad de ADN se depositó en el lugar, del tipo de superficie sobre la que se depositó el ADN, de las condiciones ambientales a las que ese ADN fue sometido (39), de los procesos que pudo sufrir tras su depósito (por ejemplo, el lavado de prendas, (40)), del método empleado para tomar la muestra en la escena (41) o en la víctima (42), o incluso de la actividad y hábitos de una persona si la prueba implica una toma de muestra corporal.

² En este estudio se depositó ADN en la parte externa de ventanas y puertas (simulando robos) y se comprobó que se podía recuperar el perfil genético hasta después de dos semanas, si bien resaltan que esta persistencia se refiere a las condiciones ambientales existentes durante los experimentos (clima de Sidney, noviembre a diciembre, muestras depositadas en patios).

Sin embargo, es muy interesante conocer la persistencia de un perfil genético y en muchas ocasiones surge esa pregunta en el juicio oral. Para dar una respuesta lo más correcta posible, el genetista puede apoyarse en los estudios que hasta ahora existen publicados en la literatura científica, si bien esto requiere un alto compromiso con la lectura y una prudencia notable en la interpretación y comunicación. No hay que olvidar que ni una publicación científica, ni si quiera un acuerdo entre expertos, otorgan a unos datos validez científica (ver "foundational validity" en informe PCAST (1)). En cualquier caso, uno de los escenarios más estudiados es la persistencia de un perfil genético bajo las uñas (43) (44) (45); así, encontramos estudios de persistencia del ADN de la víctima en las uñas del agresor tras la penetración digital en la vagina³ (46), o tras un arañazo sin resultado de sangrado⁴. Otro escenario de gran importancia es la persistencia de ADN en delitos sexuales y ya hay algunas publicaciones al respecto (47) (48) (49).

Al igual que en el caso de la huella dactilar, todo escenario presenta lo que podemos llamar un ADN de fondo (background DNA) procedente sobre todo de células de descamación de epitelios de las personas habitan o estuvieron en el lugar antes del delito. Por ello, es interesante conocer la persistencia de este ADN presente antes de la comisión de un delito en el lugar, sobre todo si en la escena no aparece ningún fluido biológico visible y la búsqueda se restringe a ADN procedente de restos epiteliales. En 2014 se publicó un estudio (50) en el que se realizaban experimentos controlados sobre objetos utilizados por una única persona durante un largo período de tiempo y que luego eran utilizados por otra durante tiempos de diferente duración (simulando así la influencia del ADN de fondo en un delito). Como era de esperar, la contribución de ADN del primer usuario respecto al segundo, decrece a lo largo del tiempo, y lo hace de forma lineal. Pero la persistencia del ADN del primer usuario depende además del tipo de superficie del objeto en cuestión (porosa o no porosa)⁵ y de la parte concreta del objeto en estudio (zonas del objeto más, o menos sometidas a roce). Más recientemente, se han realizado estudios para evaluar la influencia del ADN de fondo en objetos que frecuentemente están involucrados en los delitos, como es el caso de los cuchillos⁶ (51).

18.6.3. Transferencia de perfiles genéticos

De forma general, un perfil genético procedente de "ADN traza" puede llegar a la escena por dos mecanismos: mediante transferencia directa o mediante transferencia indirecta. La primera requiere que el donante del perfil esté presente en la escena y se produce bien por contacto directo con algún objeto o por acciones como hablar, toser o estornudar que no implican el contacto directo. La transferencia indirecta no requiere que el donante del perfil se halle en la escena, sino que el perfil llega allí mediante un intermediario (objeto o persona).

³ En este estudio se concluye que se obtiene el perfil genético completo de la víctima (mezclado con el del agresor) en el 100% de las muestras estudiadas tras las 6 primeras horas de la penetración digital, que sólo se obtiene el perfil completo en ¾ de las muestras tras 12 horas, y que tras 18 horas se obtienen perfiles no informativos; si bien advierten que el hecho de lavarse las manos puede tener una gran influencia en la persistencia.

⁴ En este estudio se detectó la presencia de ADN de la persona que sufrió el arañazo bajo las uñas de quien provocó el arañazo en el 33% de las muestras, si bien, cuando las muestras se tomaban más de 6 horas después del arañazo, sólo se detectó ADN de la persona que sufrió el arañazo en el 7% de las muestras.

⁵ En superficies duras no porosas, la proporción del ADN del primer usuario decrece hasta un 50% con respecto al segundo inmediatamente después del contacto y hasta un 15% tras 90 minutos. En superficies suaves y porosas la contribución de ADN del primer usuario permanece más elevada que la del segundo durante las primeras 10 horas y todavía supone un 12% tras 96 horas.

⁶ El ADN atribuido al usuario habitual del objeto puede persistir durante al menos una semana, y va decreciendo a medida que incrementa el tiempo entre la deposición y la recolección de la muestra.

La preocupación por las consecuencias que esto puede tener en la interpretación de la prueba por parte de los tribunales ya surgió hace unos años (52) y por ello se ha seguido investigando sobre cómo puede influir en las transferencias el nivel de descamación de la piel de los distintos individuos (53), la edad de los individuos (54) e incluso el hecho de padecer enfermedades en la piel (55).

Son muchos los estudios que demuestran que la detección de un perfil genético en una superficie no es prueba de contacto con la misma y sería imposible recoger en este capítulo tal cantidad de bibliografía, pero se ha publicado una revisión al respecto (56) que, si bien es algo antigua, puede ser de utilidad para el lector. Por otro lado, se ha de tener en cuenta que ambos tipos de transferencia (directa o indirecta) son independientes del status de culpabilidad o inocencia del donante del perfil genético en cuestión. Es decir, se puede transferir a la escena un perfil genético de forma directa pero inocentemente, sin tener relación alguna con el delito.

Los propios investigadores de la escena o el personal del laboratorio pueden transferir su ADN produciendo lo que llamamos contaminación. A diferencia del ADN de fondo presente en la escena antes de que se cometiera el delito, o de las transferencias descritas anteriormente, esta transferencia de ADN puede intentar evitarse y para ello, investigadores, analistas y proveedores de material establecen una serie de medidas de seguridad que no nos detendremos a describir, pues se escapa de los propósitos de este capítulo y el tema se ha tratado ampliamente en el capítulo 3 de este libro. Simplemente recordar que el problema de la contaminación se hace más difícil de resolver cuando se transfiere ADN presente en un objeto de la escena a otro objeto a través del investigador o del analista, por ejemplo, por un descuido en el cambio de guantes (57). Incluso esto puede suceder en el laboratorio entre muestras u objetos involucrados en diferentes delitos, lo cual puede llevar a involucrar a un individuo en un delito que no cometió (21) (58).

18.7. PROBLEMAS EN LA INTERPRETACIÓN DE LA PRUEBA DE ADN

Sería poco práctico e innecesario pretender que jueces, fiscales y abogados defensores se convirtieran en expertos en la prueba de ADN, pero es necesario que entiendan su significado y sus limitaciones. En la actualidad existe una actitud algo pesimista entre genetistas forenses y profesionales del sistema judicial, con respecto a que este entendimiento se pueda lograr. El concepto de LR no es fácil de entender por parte de los juristas, y los expertos genetistas, con frecuencia, no lo explican adecuadamente en el acto del juicio oral, si bien también ya hay publicaciones que intentan explicar este concepto de forma más o menos clara (59) (60) (61). Esta dificultad genera malinterpretaciones y abismos entre ambos tipos de profesionales, debido principalmente a las grandes diferencias del lenguaje y tipo de conocimientos que se manejan en ambas especialidades (62). Pero ya hay cierto avance en otros campos de la criminalística hacia una valoración de la prueba mediante cocientes de probabilidad, e incluso hay sentencias que reflejan una total conciencia de la importancia de ofrecer los resultados de las pruebas periciales acompañados de valoraciones numéricas que midan la incertidumbre (Sentencia de la Audiencia Provincial de Madrid núm. 19478/2013, refiriéndose a la prueba caligráfica⁷). Sin duda, se avanzaría mucho si este importante tema se incluyera en los

⁷ SAP M 19478/2013: “Por último, hasta donde se conoce - y a salvo del extremo de las matemáticas puras, la cuestión relativa al ADN, recuérdese, se habría de mantener en cálculos de probabilidad que, por su carácter ínfimo, habría de considerarse, en términos estadísticos, despreciable- difícilmente se puede sostener un informe afirmando, respecto del mismo, su condición de infalible - recuérdese que se afirmó la certeza del 100 % de las conclusiones contenidas en el mismo”.

programas formativos de jueces, fiscales, peritos e incluso en alumnos de derecho. Vemos con agrado como algunas Facultades de Derecho incorporan la Medicina Legal entre sus asignaturas y como, recientemente jueces y fiscales, comienzan a incluir este tema en los programas formativos.

Sin embargo, la valoración de la prueba biológica va más allá del entendimiento del LR, y en los tribunales se pueden producir malinterpretaciones que no están relacionadas con la identidad del perfil genético, sino con asociaciones que se hacen del perfil genético en estudio con otras cuestiones. Gran parte de estas asociaciones se deben a que la prueba de ADN se considera en los tribunales como una prueba de importante nivel incriminatorio. Y ello lleva a pensar que se puede saber no sólo de quién es un perfil genético (es decir establecer su identidad), sino cómo, cuándo y por qué llegó a la escena⁸ (20). Es decir, se extrapola directamente el valor del LR obtenido tras la comparación de hipótesis de identidad (el perfil pertenece al acusado vs. no pertenece al acusado), a otras hipótesis que implican algo más que identidad (por ejemplo, el acusado es culpable vs. el acusado es inocente).

Si bien estas asociaciones pueden ser ciertas en muchos de los hechos delictivos que se juzgan, también es verdad que existen múltiples explicaciones alternativas de cuándo, cómo y por qué un perfil genético llega a la escena de un delito⁹, como ya hemos visto en el apartado 18.6 de este capítulo. Y es necesario que el juzgador conozca esas alternativas. En algunos casos el genetista forense podrá realizar aclaraciones al respecto desde el punto de vista científico, basándose en datos experimentales; pero en otras sólo podrá emitir una opinión (por la ausencia de datos científicos en los cuales fundamentar su exposición). El peligro radica en confundir lo que es la opinión de un experto (que puede ser mera especulación) con lo que es la evidencia científica; la confusión llega a veces hasta tal punto, que se considera que todo lo que dice el experto es de carácter científico. Nada más lejos de la realidad; los expertos deben aclarar en el acto del juicio oral qué conclusiones se basan en estudios científicos y cuales son meras opiniones.

Pero en esta sección nos centraremos más en los problemas que surgen cuando se tiene que interpretar el valor del LR. En primer lugar, hay cierta tendencia a centrarse únicamente en su valor numérico, olvidándose de las hipótesis que se contrastaron. Dar importancia sólo al valor del LR es insuficiente, ya que este índice puede calcularse a partir de varias hipótesis, es decir, para un mismo resultado en la prueba genética, existen varios valores de LRs, como hemos visto en el apartado relativo al establecimiento de hipótesis de este capítulo.

Otro de los errores más habituales en la valoración de la prueba mediante el LR, cometido tanto por genetistas como por juristas, es el denominado error de “trasposición de la condicional”. Este error consiste en la eliminación de las probabilidades condicionales que se contrastan en el LR. En efecto, como hemos visto, mediante el LR se compara la probabilidad de obtener el perfil genético en las muestras en estudio si suponemos que procede del acusado, es decir, desde el punto de vista del fiscal ($\Pr(E|H_a)$), siendo E = evidencia, es decir,

⁸ Ian Evett y cols., al describir los diferentes niveles de proposiciones (hipótesis) en el cálculo del LR, destacaron que diferentes hipótesis dan lugar a diferentes valores de LR; es decir el valor de un LR calculado para un par de hipótesis no es extrapolable a otro LR que contemple otras hipótesis.

⁹ Por ejemplo, en cuanto a la pregunta ¿cuándo llegó el perfil genético a la escena?, caben varias posibilidades: antes del delito, durante la comisión del hecho delictivo o después de cometerse el delito. En cuanto a la pregunta ¿cómo llegó el perfil genético a la escena?, también hay diferentes posibilidades: por transferencia directa del donante a la escena o por transferencia indirecta a través de otra persona u objeto. Finalmente, en cuanto a la pregunta ¿por qué el perfil llegó a la escena?, las alternativas podrían ser por ejemplo porque el donante estuvo allí pero no intervino en el delito o porque el donante se hirió al cometer el delito.

la coincidencia de perfiles genéticos y H_a = hipótesis de la acusación), y la misma probabilidad suponiendo que el perfil genético no procede del acusado, es decir, desde el punto de vista de la defensa ($\Pr(E|H_d)$, siendo E = evidencia, es decir, la coincidencia de perfiles genéticos y H_d = hipótesis de la defensa). Al cometer el error de transposición de la condicional se eliminan directamente estas probabilidades condicionadas y el LR se convierte en una comparación de las probabilidades de H_a y H_d directamente, lo cual no es correcto. Es decir, se le está dando una definición al LR que no es la correcta, pues en lugar de definirlo como realmente es ($LR = P(E|H_a) / P(E|H_d)$), se define como $LR = P(H_a)/P(H_d)$.

Con un ejemplo no genético podemos entenderlo mejor (60). Imaginemos que a un juez le interesa saber si el lector está en Galicia o en Almería. Para ello nos encarga una prueba: que comprobemos si está lloviendo o no, y el resultado de esta prueba es que “está lloviendo”. El perito debe 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 prueba (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. Al juez lo que le interesa realmente es saber si el lector está en Galicia o en Almería, pero el perito sólo puede valorar la prueba bajo esas dos hipótesis y no puede decirle directamente si está en Galicia o en Almería (que sería la manera incorrecta de expresar el LR).

Finalmente, sin duda, uno de los errores más habituales se produce cuando se confunde la fiabilidad de la prueba de ADN con el LR. Entre las definiciones que la RAE ofrece de la palabra fiable encontramos “creíble, fidedigno, sin error”, así como “que ofrece seguridad o buenos resultados”. La extensión a fiabilidad podría definirse como la probabilidad de que algo sea fiable, por ejemplo la probabilidad de que un sistema, aparato o dispositivo cumpla una determinada función bajo ciertas condiciones durante un tiempo determinado. Y es así como debe definirse también cuando aplicamos este adjetivo a la prueba de ADN. Es decir, para conocer la fiabilidad de la prueba de ADN necesitamos conocer la tasa de errores que se comenten al realizarla. Pensar que los genetistas forenses no cometen errores no es realista, debido a su condición de seres humanos, y por tanto falibles.

De forma general, como ejemplos de errores podríamos destacar los falsos positivos y los falsos negativos que pueden producirse cuando se realizan análisis de ADN. Un falso positivo consiste en evidenciar el mismo perfil genético en dos muestras que realmente no presentan el mismo perfil. Y un falso negativo sería lo contrario, concluir que dos muestras presentan diferentes perfiles genéticos cuando realmente sí lo tienen. Ambos hechos pueden producirse por muchos motivos (por una contaminación, por un cambio involuntario de una muestra por otra en el proceso de análisis, por un cambio en la transcripción o transmisión de los datos genéticos al proceso de cotejo o al informe pericial).

Pero todo esto nada tiene que ver con la evaluación de los resultados de la prueba de ADN en un caso concreto, en la que, como hemos visto, se calculan las probabilidades de que dos perfiles genéticos coincidan si pertenecen o no a la misma persona. Por tanto, cuando el genetista forense está valorando estadísticamente la prueba de ADN de un caso concreto, está suponiendo que la prueba es totalmente fiable y que no se han cometido errores, lo cual seguramente es cierto en la mayoría de los casos pero puede no serlo en algunos.

Los genetistas forenses deben realizar un esfuerzo por conocer las tasas de error de sus laboratorios. Hoy en día sólo hay algunos ejemplos de laboratorios que han estimado su tasa de error en un ejercicio de transparencia (63). En España, la mayoría de los laboratorios

oficiales están acreditados por ENAC (Entidad Nacional de Acreditación) bajo la norma ISO 17025. Esto facilita la estimación de la tasa de error, ya que los laboratorios se ven obligados a registrar y documentar los errores que cometen, y las acciones correctivas que aplican para evitarlos en el futuro. Una vez estimada tal tasa, podría incorporarse en el LR o al menos informar de la misma en los informes periciales.

CONCLUSIÓN

Muchos pensamos que el avance más importante en la historia de las ciencias forenses no ha sido un descubrimiento técnico, con toda la revolución y progreso que para la investigación criminal y la justicia ha supuesto la prueba de ADN, sino la introducción de la valoración probabilística de los resultados de la prueba. Esto ha significado pasar de una medicina forense basada en opiniones y experiencia a una prueba científica basada en datos y donde el valor de las conclusiones de la pericia se valora con un estándar que es la probabilidad. Es esencial distinguir siempre lo que es una prueba científica y lo que es la opinión de un experto, ya que con frecuencia se mezclan ambos conceptos.

La prueba de ADN se ha de valorar pues en términos de probabilidad y para calcularla utilizamos normalmente razones de verosimilitud, esto es, una proporción entre dos probabilidades condicionadas a dos hipótesis que en nuestro caso coinciden habitualmente con la posición de la acusación y con la posición de la defensa.

Cuando los perfiles de ADN son complejos, lo que es muy frecuente en el caso de investigación criminal porque hemos aumentado mucho la sensibilidad de la técnica, hemos ido mejorando los modelos estadísticos hacia modelos continuos y disponemos de software que nos permite determinar la razón de verosimilitud. Aquí el entrenamiento de los peritos es vital, así como su formación continuada porque es un área en constante avance.

La formulación de las hipótesis es clave porque de ella depende el resultado y aunque en algunas ocasiones son claras, en otras no lo son tanto e incluso caben hipótesis alternativas. Esta adecuada formulación de hipótesis es un reto tanto para los peritos, como para las partes y los jueces, y exige un esfuerzo de comunicación continuado, ya que se pueden abrir hipótesis alternativas durante la celebración del juicio oral.

Es particularmente compleja la formulación de hipótesis en el caso de mezclas de perfiles de ADN, en las que hay que tener en cuenta el número de contribuyentes, lo que permite diversas alternativas que se pueden plantear; pero la prueba de ADN tiene también sus limitaciones y cuando el número de contribuyentes es alto, al menos mayor de tres, se precisa todavía más investigación y trabajo para poder dar probabilidades con estándares científicamente válidos.

También hay que ser precavido con la posibilidad de transferencia directa o indirecta de ADN que, aunque se toman muchísimas precauciones, siempre es una posibilidad por el aumento de sensibilidad de la técnica. El error en el laboratorio (tasas de falsos positivos y negativos) es pues posible y los laboratorios están comenzando ya a determinarlo y expresarlo en los informes, lo que no se debe confundir con la valoración de la prueba en un caso concreto.

La adecuada comunicación del valor de la prueba es fundamental. Si los peritos no lo comunican de forma correcta es muy fácil cometer errores en la valoración del peso de la prueba. El error más común es el de trasposición del condicional en el que perito comunica el

valor de la prueba invirtiendo los condicionales de las proposiciones de las dos hipótesis que se valoran y puede llevar a serios problemas de interpretación.

La prueba de ADN está ofreciendo un servicio enorme a la justicia y normalmente los valores de LR que se presentan apoyando a algunas de las dos hipótesis son muy elevados, pero no siempre es así. En todos los casos, pero en estos en particular, la correcta valoración de la prueba y su correcta comunicación es vital.

La comprensión del concepto de cociente de verosimilitud e integración del valor de la prueba de ADN con otras pruebas no es intuitiva y exige un aprendizaje y entrenamiento. Los peritos forenses deben de ser entrenados en su correcto cálculo y comunicación y, por otra parte, los profesionales del mundo del derecho y en especial jueces y fiscales deben de ser instruidos en su correcto entendimiento, en evitar sesgos en la interpretación (como las conocidas como falacia del fiscal y de la defensa, o la confusión entre la tasa de error de la prueba y el LR) y en la correcta integración del valor de la prueba genética con otras pruebas que no pueden ser cuantificadas de forma tan exacta.

AGRADECIMIENTOS

BIBLIOGRAFÍA

1. Executive Office of the President. President's Council of Advisors on Science and Technology. obamawhitehouse.archives.gov. [Online]. Washington: https://obamawhitehouse.archives.gov/sites/default/files/microsites/ostp/PCAST/pcast_forensic_science_report_final.pdf; 2016 [cited 2018 June 15].
2. Gill P, Brenner C, Buckleton J, Carracedo A, Krawczak M, Mayr W, et al. DNA commission of the International Society of Forensic Genetics: Recommendations on the interpretation of mixtures. *For Sci Int.* 2006; 160: p. 90-101.
3. SWGDAM. Interpretation Guidelines for Autosomal STR Typing by Forensic DNA Testing Laboratories. [Online].; 2017 [cited 2018 02 07. Available from: https://docs.wixstatic.com/ugd/4344b0_50e2749756a242528e6285a5bb478f4c.pdf.
4. ENFSI. ENFSI Guideline for Evaluative Reporting in Forensic Science. [Online].; 2015 [cited 2018 Mayo 20. Available from: http://enfsi.eu/wp-content/uploads/2016/09/m1_guideline.pdf.
5. Amorim A, Crespillo M, Luque J, Prieto L, García O, Gusmão L, et al. Formulation and communication of evaluative forensic science expert opinion—A GHEP-ISFG contribution to the establishment of standards. *For Sci Int.: Genet.* 2016; 25: p. 210-213.
6. Gill P, Gusmão L, Haned H, Mayr W, Morling N, Parson W, et al. DNA Commission of the International Society for Forensic Genetics: Recommendations on the evaluation of STR typing results that may include drop-out and/or drop-in using probabilistic methods. *For Sci Int.: Genet.* 2012; 6(6): p. 679-688.

7. Prieto L, Montesino M, Rodríguez A, Arévalo C, Herráez R, Carracedo A. Valoración e interpretación de perfiles genéticos problemáticos. *Boletín Gallego de Medicina Legal y Forense. Monográfico Genética Forense*. 2014; 20: p. 87-97.
8. Haned H. Forensim: An open-source initiative for the evaluation of statistical methods in forensic genetics. *For Sci Int.: Genet*. 2011; 5(4): p. 265-268.
9. Haned H, Slooten K, Gill P. Exploratory data analysis for the interpretation of low template DNA mixtures. *For Sci Int.: Genet*. 2012; 6(6): p. 762-774.
- 1 Gill P, Haned H. A new methodological framework to interpret complex DNA profiles using likelihood ratios. *For Sci Int.: Genet*. 2013; 7(2): p. 251-263.
- 1 Prieto L, Haned H, Mosquera A, Crespillo M, Alemañ M, Aler M, et al. EuroforGen-NoE collaborative exercise on LRmix to demonstrate standardization of the interpretation of complex DNA profiles. *For Sci Int.: Genet*. 2014; 9: p. 47-54.
- 1 Bleka Ø, Benschop C, Storvik G, Gill P. A comparative study of qualitative and quantitative models used to interpret complex STR DNA profiles. *Forensic Sci Int.: Genet*. 2016; 25: p. 85-96.
- 1 Curran J, Buckleton J. Uncertainty in the number of contributors for the European Standard. *For Sci Int.: Genet*. 2014; 11: p. 205-206.
- 1 Taylor D, Bright J, Buckleton J. Interpreting forensic DNA profiling evidence without specifying the number of contributors. *For Sci Int.: Genet*. 2014; 13: p. 269-280.
- 1 Egeland T, Dalen I, Mostad P. Estimating the number of contributors to a DNA profile. *Int J Legal Med*. 2003; 117(5): p. 271-275.
- 1 Buckleton J, Curran J, Gill P. Towards understanding the effect of uncertainty in the number of contributors to DNA stains. *For Sci Int.: Genet*. 2007; 1(1): p. 20-28.
- 1 Tvedebrink T. On the exact distribution of the number of alleles in DNA mixtures. *Int J Legal Med*. 2014; 128(3): p. 427-437.
- 1 Gittelsohn S, Kalafut T, Myers S, Taylor D, Hicks T, Taroni F, et al. A Practical Guide for the Formulation of Propositions in the Bayesian Approach to DNA Evidence Interpretation in an Adversarial Environment. *J Forensic Sci*. 2016; 61: p. 186-195.
- 1 Cook R, Evett I, Jackson G, Jones P, Lambert J. A hierarchy of propositions: deciding which level to address in casework. *Sci. Justice*. 1998; 38: p. 231-239.
- 2 Evett I, Gill P, Jackson G, Whitaker J, Champod C. Interpreting small quantities of DNA: the hierarchy of propositions and the use of Bayesian networks. *J. Forensic Sci*. 2000; 47(3): p. 520-530.
- 2 Gill P. *Misleading DNA evidence: reasons for miscarriages of justice* London: Elsevier Academic

1. Press; 2014.
- 2 Haned H, Gill P. Analysis of complex DNA mixtures using the Forensim package. For Sci Int.: Genet
2. Supplement Series. 2011; 3(1): p. e79-e80.
- 2 Mitchell A, Tamariz J, O'Connell K, Ducasse N, Budimilija Z, Prinz M, et al. Validation of a DNA
3. mixture statistics tool incorporating allelic drop-out and drop-in. For Sci Int.: Genet. 2012; 6(6): p.
749-761.
- 2 Gill P, Kirkham A, Curran J. LoComatioN: A software tool for the analysis of low copy number DNA
4. profiles. For Sci Int. 2007; 166(2-3): p. 128-138.
- 2 Inman K, Rudin N, Cheng K, Robinson C, Kirschner A, Inman-Semeran L, et al. Lab Retriever: a
5. software tool for calculating likelihood ratios incorporating a probability of drop-out for forensic
DNA profiles. BMC Bioinformatics. 2015; 16(1): p. 1-10.
- 2 Dørum G, Kaur N, Gysi M. Pedigree-based relationship inference from complex DNA mixtures. Int J
6. Legal Med. 2017; 131: p. 629-641.
- 2 Balding D. Evaluation of mixed-source, low-template DNA profiles in forensic science. Proceedings
7. of the National Academy of Sciences of the United States of America. 2013; 110(30): p. 12241-
12246.
- 2 Balding D, Timpson A, Steele C, d'Avezac M, Hetherington J. LikeLTD: Tools to Evaluate DNA
8. Profile Evidence. ; 2016.
- 2 Taylor D, Bright J, Buckleton J. The interpretation of single source and mixed DNA profiles. For Sci
9. Int.: Genet. 2013; 7: p. 516-528.
- 3 Cowell R, Graversen T, Lauritzen S, Mortera J. Analysis of forensic DNA mixtures with artefacts.
10. Appl. Statist. 2015; 64(1): p. 1-32.
- 3 Bleka Ø, Storvik G, Gill P. EuroForMix: An open source software based on a continuous model to
11. evaluate STR DNA profiles from a mixture of contributors with artefacts. For Sci Int.: Genet. 2016;
21: p. 35-44.
- 3 Perlin M, Legler M, Spencer C, Smith J, Allan W, Belrose J, et al. Validating TrueAllele DNA Mixture
12. Interpretation. J For Sciences. 2011; 56: p. 1430-1447.
- 3 Puch-Solís R, Rodgers L, Mazumder A, Pope S, Evett I, Curran J, et al. Evaluating forensic DNA
13. profiles using peak heights, allowing for multiple donors, allelic dropout and stutters. For Sci
Int.: Genet. 2013; 7: p. 555-563.
- 3 Swaminathan H, Grgicak C, Medard M, Lun D. NOCI: A computational method to infer the
14. number of contributors to DNA samples analyzed by STR genotyping. For Sci Int.: Genet. 2015; 16:
p. 172-180.

- 3 Brenner C. Forensic Mathematics. [Online].; 2015 [cited 2018 Mayo 21. Available from:
5. <http://dna-view.com/downloads/Mixture%20Solution%20poster.pdf>.
- 3 Manabe S, Morimoto C, Hamano Y, Fujimoto S, Tamaki K. Development and validation of open-
6. source software for DNA mixture interpretation based on a quantitative continuous model. PLoS ONE. 2017; 12(11): p. e0188183.
- 3 EuroforGenNoE. Making sense of Forensic Genetics London: Sense about Science,
7. <http://senseaboutscience.org/activities/making-sense-of-forensic-genetics/>; 2017.
- 3 Raymond J, van Oorschot R, Gunn P, Walsh S, Roux C. Trace evidence characteristics of DNA: A
8. preliminary investigation of the persistence of DNA at crime scenes 2009. For Sci Int.: Genet. 2009; 4(1): p. 26-33.
- 3 Helmus J, Zorell S, Bajanowski T, Poetsch M. Persistence of DNA on clothes after exposure to
9. water for different time periods-a study on bathtub, pond, and river. Int J Leg Med. 2018; 132(1): p. 99-106.
- 4 Brayley-Morrison H, Sorrell A, Revoir A, Meakin G. Persistence of DNA from laundered semen
0. stains: Implications for child sex trafficking cases. For Sci Int.: Genet. 2015; 19: p. 165-171.
- 4 Raymond J, van Oorschot R, Gunn P, Walsh S, Roux C. Trace DNA analysis: Do you know what your
1. neighbor is doing?: A multi-jurisdictional survey. For Sci Int.: Genet. 2007; 2(1): p. 19-28.
- 4 Benschop C, Wiebosch D, Kloosterman A, Sijen T. Post-coital vaginal sampling with nylon flocked
2. DNA swabs improves DNA typing. For Sci Int.: Genet. 2009; 4(2): p. 115-121.
- 4 Cook O, Dixon L. The prevalence of mixed DNA profiles in fingernail samples taken from
3. individuals in the general population. For Sci Int.: Genet. 2007; 1(1): p. 62-68.
- 4 Matte M, Williams L, Frappier R, Newman J. Prevalence and persistence of foreign DNA beneath
4. fingernails. For Sci Int.: Genet. 2012; 6(2): p. 236-243.
- 4 Iuvaro A, Bini C, Dilloo S, Sarno S, Pelotti S. Male DNA under female fingernails after scratching:
5. transfer and persistence evaluation by RT-PCR analysis and Y-STR typing. Int J Leg Med. 2018; p. <https://doi.org/10.1007/s00414-018-1839-z>.
- 4 Flanagan N, McAlister C. The transfer and persistence of DNA under the fingernails following
6. digital penetration of the vagina. For Sci Int.: Genet. 2011; 5(5): p. 479-483.
- 4 Speck P, Ballantyne J. Post-coital DNA Recovery Study. ; 2015.
7.
- 4 Sibille I, Duverneuil C, Lorin de la Grandmaison G, Guerrouache K, Teissière F, Durigon M, et al. Y-
8. STR DNA amplification as biological evidence in sexually assaulted female victims with no cytological detection of spermatozoa. For Sci Int. 2002; 125: p. 212-216.

- 4 Albani P, Patel J, Fleming R. Background levels of male DNA in the vaginal cavity. For Sci Int.: Genet. 2018 Mar; 33: p. 110-116.
- 5 van Oorschot R, Glavich G, Mitchell R. Persistence of DNA deposited by the original user on objects after subsequent use by a second person. For Sci Int.: Genet. 2014; 8(1): p. 219-225.
- 5 Meakin G, Butcher E, van Oorschot R, Morgan R. Trace DNA evidence dynamics: An investigation into the deposition and persistence of directly- and indirectly-transferred DNA on regularly-used knives. For Sci Int.: Genet. 2017; 29: p. 38-47.
- 5 Lowe A, Murray C, Whitaker J, Tully G, Gill P. The propensity of individuals to deposit DNA and secondary transfer of low level DNA from individuals to inert surfaces. For Sci Int. 2002; 129(1): p. 25–34.
- 5 Fonnelløp A, Ramse M, Egeland T, Gill P. The implications of shedder status and background DNA on direct and secondary transfer in an attack scenario. For Sci Int.: Genet. 2017; 29: p. 48–60.
- 5 Poetsch M, Bajanowski T, Kamphausen T. Influence of an individual's age on the amount and interpretability of DNA left on touched items. Int J Legal Med. 2013; 127(6): p. 1093–1096.
- 5 Kamphausen T, Schadendorf D, von Wurmb-Schwark N, Bajanowski T, Poetsch M. Good shedder or bad shedder—the influence of skin diseases on forensic DNA analysis from epithelial abrasions. Int J Legal Med. 2012; 126: p. 179–183.
- 5 Meakin G, Jaimeson A. DNA transfer: Review and implications for casework. For Sci Int.: Genet. 2013; 7(4): p. 434-443.
- 5 Fonnelløp A, Egeland T, Gill P. Secondary and subsequent DNA transfer during criminal investigation. For Sci Int.: Genet. 2015; 17: p. 155–162.
- 5 Szkuta B, Harvey M, Ballantyne K, van Oorschot R. DNA transfer by examination tools—a risk for forensic casework? For Sci Int.: Genet. 2015; 16: p. 246–254.
- 5 Prieto L, Carracedo A. La valoración estadística de la prueba de ADN para juristas. In Cabezudo B. Bajo MJ(). Las bases de datos policiales de ADN. ¿Son realmente una herramienta eficaz en la lucha contra la criminalidad grave nacional y transfronteriza? Madrid: Ed. Dykinson; 2013. p. 277-296.
- 6 Carracedo A, Prieto L. Valoración de la prueba genética. In Guillén MCyM. ADN Forense: 0. problemas éticos y jurídicos. Barcelona: Observatorio de Bioética y Derecho de la Universidad de Barcelona, Colección de Bioética; 2014. p. 145-156.
- 6 Lucena Molina J. Parentela Blog. [Online].; 2018 [cited 2018 mayo 16. Available from: 1. http://familias.name/blog/18_02_21_Lucena_COMPRENDIENDO_LR_ADN.pdf.
- 6 de Keijser J, Elffers H. Understanding of forensic expert reports by judges, defense lawyers and

2. forensic professionals. *Psychology, Crime & Law*. 2012; 18(2): p. 191–207.
- 6 Kloosterman A, Sjerps M, Quak A. Error rates in forensic DNA analysis: definition, numbers, impact and communication. *For Sci Int.: Genet.* 2014; 12: p. 77-85.
1. Executive Office of the President. President’s Council of Advisors on Science and Technology. obamawhitehouse.archives.gov. [Online]. Washington: https://obamawhitehouse.archives.gov/sites/default/files/microsites/ostp/PCAST/pcast_forensic_science_report_final.pdf; 2016 [cited 2018 June 15].
2. Gill P, Brenner C, Buckleton J, Carracedo A, Krawczak M, Mayr W, et al. DNA commission of the International Society of Forensic Genetics: Recommendations on the interpretation of mixtures. *For Sci Int.* 2006; 160: p. 90-101.
3. SWGDAM. Interpretation Guidelines for Autosomal STR Typing by Forensic DNA Testing Laboratories. [Online].; 2017 [cited 2018 02 07. Available from: https://docs.wixstatic.com/ugd/4344b0_50e2749756a242528e6285a5bb478f4c.pdf.
4. ENFSI. ENFSI Guideline for Evaluative Reporting in Forensic Science. [Online].; 2015 [cited 2018 Mayo 20. Available from: http://enfsi.eu/wp-content/uploads/2016/09/m1_guideline.pdf.
5. Amorim A, Crespillo M, Luque J, Prieto L, García O, Gusmão L, et al. Formulation and communication of evaluative forensic science expert opinion—A GHEP-ISFG contribution to the establishment of standards. *For Sci Int.: Genet.* 2016; 25: p. 210-213.
6. Gill P, Gusmão L, Haned H, Mayr W, Morling N, Parson W, et al. DNA Commission of the International Society for Forensic Genetics: Recommendations on the evaluation of STR typing results that may include drop-out and/or drop-in using probabilistic methods. *For Sci Int.: Genet.* 2012; 6(6): p. 679-688.
7. Prieto L, Montesino M, Rodríguez A, Arévalo C, Herráez R, Carracedo A. Valoración e interpretación de perfiles genéticos problemáticos. *Boletín Gallego de Medicina Legal y Forense. Monográfico Genética Forense.* 2014; 20: p. 87-97.
8. Haned H. Forensim: An open-source initiative for the evaluation of statistical methods in forensic genetics. *For Sci Int.: Genet.* 2011; 5(4): p. 265-268.
9. Haned H, Slooten K, Gill P. Exploratory data analysis for the interpretation of low template DNA mixtures. *For Sci Int.: Genet.* 2012; 6(6): p. 762-774.
- 1 Gill P, Haned H. A new methodological framework to interpret complex DNA profiles using likelihood ratios. *For Sci Int.: Genet.* 2013; 7(2): p. 251-263.
- 1 Prieto L, Haned H, Mosquera A, Crespillo M, Alemañ M, Aler M, et al. EuroforGen-NoE collaborative exercise on LRmix to demonstrate standardization of the interpretation of complex

DNA profiles. *For Sci Int.: Genet.* 2014; 9: p. 47-54.

1 Bleka Ø, Benschop C, Storvik G, Gill P. A comparative study of qualitative and quantitative models used to interpret complex STR DNA profiles. *Forensic Sci Int.: Genet.* 2016; 25: p. 85-96.

1 Curran J, Buckleton J. Uncertainty in the number of contributors for the European Standard. *For Sci Int.: Genet.* 2014; 11: p. 205-206.

1 Taylor D, Bright J, Buckleton J. Interpreting forensic DNA profiling evidence without specifying the number of contributors. *For Sci Int.: Genet.* 2014; 13: p. 269-280.

1 Egeland T, Dalen I, Mostad P. Estimating the number of contributors to a DNA profile. *Int J Legal Med.* 2003; 117(5): p. 271-275.

1 Buckleton J, Curran J, Gill P. Towards understanding the effect of uncertainty in the number of contributors to DNA stains. *For Sci Int.: Genet.* 2007; 1(1): p. 20-28.

1 Tvedebrink T. On the exact distribution of the number of alleles in DNA mixtures. *Int J Legal Med.* 2014; 128(3): p. 427-437.

1 Gittelsohn S, Kalafut T, Myers S, Taylor D, Hicks T, Taroni F, et al. A Practical Guide for the Formulation of Propositions in the Bayesian Approach to DNA Evidence Interpretation in an Adversarial Environment. *J Forensic Sci.* 2016; 61: p. 186-195.

1 Cook R, Evett I, Jackson G, Jones P, Lambert J. A hierarchy of propositions: deciding which level to address in casework. *Sci. Justice.* 1998; 38: p. 231-239.

2 Evett I, Gill P, Jackson G, Whitaker J, Champod C. Interpreting small quantities of DNA: the hierarchy of propositions and the use of Bayesian networks. *J. Forensic Sci.* 2000; 47(3): p. 520-530.

2 Gill P. *Misleading DNA evidence: reasons for miscarriages of justice* London: Elsevier Academic Press; 2014.

2 Haned H, Gill P. Analysis of complex DNA mixtures using the Forensim package. *For Sci Int.: Genet. Supplement Series.* 2011; 3(1): p. e79-e80.

2 Mitchell A, Tamariz J, O'Connell K, Ducasse N, Budimlija Z, Prinz M, et al. Validation of a DNA mixture statistics tool incorporating allelic drop-out and drop-in. *For Sci Int.: Genet.* 2012; 6(6): p. 749-761.

2 Gill P, Kirkham A, Curran J. LoComatioN: A software tool for the analysis of low copy number DNA profiles. *For Sci Int.* 2007; 166(2-3): p. 128-138.

2 Inman K, Rudin N, Cheng K, Robinson C, Kirschner A, Inman-Semeran L, et al. Lab Retriever: a software tool for calculating likelihood ratios incorporating a probability of drop-out for forensic

- DNA profiles. BMC Bioinformatics. 2015; 16(1): p. 1-10.
- 2 Dørum G, Kaur N, Gysi M. Pedigree-based relationship inference from complex DNA mixtures. Int J
6. Legal Med. 2017; 131: p. 629-641.
- 2 Balding D. Evaluation of mixed-source, low-template DNA profiles in forensic science. Proceedings
7. of the National Academy of Sciences of the United States of America. 2013; 110(30): p. 12241-
12246.
- 2 Balding D, Timpson A, Steele C, d'Avezac M, Hetherington J. LikeLTD: Tools to Evaluate DNA
8. Profile Evidence. ; 2016.
- 2 Taylor D, Bright J, Buckleton J. The interpretation of single source and mixed DNA profiles. For Sci
9. Int.: Genet. 2013; 7: p. 516-528.
- 3 Cowell R, Graverson T, Lauritzen S, Mortera J. Analysis of forensic DNA mixtures with artefacts.
0. Appl. Statist. 2015; 64(1): p. 1-32.
- 3 Bleka Ø, Storvik G, Gill P. EuroForMix: An open source software based on a continuous model to
1. evaluate STR DNA profiles from a mixture of contributors with artefacts. For Sci Int.: Genet. 2016;
21: p. 35-44.
- 3 Perlin M, Legler M, Spencer C, Smith J, Allan W, Belrose J, et al. Validating TrueAllele DNA Mixture
2. Interpretation. J For Sciences. 2011; 56: p. 1430-1447.
- 3 Puch-Solís R, Rodgers L, Mazumder A, Pope S, Evett I, Curran J, et al. Evaluating forensic DNA
3. profiles using peak heights, allowing for multiple donors, allelic dropout and stutters. For Sci
Int.: Genet. 2013; 7: p. 555-563.
- 3 Swaminathan H, Grgicak C, Medard M, Lun D. NOCI: A computational method to infer the
4. number of contributors to DNA samples analyzed by STR genotyping. For Sci Int.: Genet. 2015; 16:
p. 172-180.
- 3 Brenner C. Forensic Mathematics. [Online].; 2015 [cited 2018 Mayo 21. Available from:
5. <http://dna-view.com/downloads/Mixture%20Solution%20poster.pdf>.
- 3 Manabe S, Morimoto C, Hamano Y, Fujimoto S, Tamaki K. Development and validation of open-
6. source software for DNA mixture interpretation based on a quantitative continuous model. PLoS
ONE. 2017; 12(11): p. e0188183.
- 3 EuroforGenNoE. Making sense of Forensic Genetics London: Sense about Science,
7. <http://senseaboutscience.org/activities/making-sense-of-forensic-genetics/>; 2017.
- 3 Raymond J, van Oorschot R, Gunn P, Walsh S, Roux C. Trace evidence characteristics of DNA: A
8. preliminary investigation of the persistence of DNA at crime scenes2009. For Sci Int.: Genet. 2009;
4(1): p. 26-33.

3 Helmus J, Zorell S, Bajanowski T, Poetsch M. Persistence of DNA on clothes after exposure to
9. water for different time periods-a study on bathtub, pond, and river. *Int J Leg Med.* 2018; 132(1):
p. 99-106.

4 Brayley-Morrison H, Sorrell A, Revoir A, Meakin G. Persistence of DNA from laundered semen
0. stains: Implications for child sex trafficking cases. *For Sci Int.: Genet.* 2015; 19: p. 165-171.

4 Raymond J, van Oorschot R, Gunn P, Walsh S, Roux C. Trace DNA analysis: Do you know what your
1. neighbor is doing?: A multi-jurisdictional survey. *For Sci Int.: Genet.* 2007; 2(1): p. 19-28.

4 Benschop C, Wiebosch D, Kloosterman A, Sijen T. Post-coital vaginal sampling with nylon flocked
2. DNA swabs improves DNA typing. *For Sci Int.: Genet.* 2009; 4(2): p. 115-121.

4 Cook O, Dixon L. The prevalence of mixed DNA profiles in fingernail samples taken from
3. individuals in the general population. *For Sci Int.: Genet.* 2007; 1(1): p. 62-68.

4 Matte M, Williams L, Frappier R, Newman J. Prevalence and persistence of foreign DNA beneath
4. fingernails. *For Sci Int.: Genet.* 2012; 6(2): p. 236-243.

4 Iuvaro A, Bini C, Dilloo S, Sarno S, Pelotti S. Male DNA under female fingernails after scratching:
5. transfer and persistence evaluation by RT-PCR analysis and Y-STR typing. *Int J Leg Med.* 2018; p.
<https://doi.org/10.1007/s00414-018-1839-z>.

4 Flanagan N, McAlister C. The transfer and persistence of DNA under the fingernails following
6. digital penetration of the vagina. *For Sci Int.: Genet.* 2011; 5(5): p. 479-483.

4 Speck P, Ballantyne J. Post-coital DNA Recovery Study. ; 2015.
7.

4 Sibille I, Duverneuil C, Lorin de la Grandmaison G, Guerrouache K, Teissière F, Durigon M, et al. Y-
8. STR DNA amplification as biological evidence in sexually assaulted female victims with no
cytological detection of spermatozoa. *For Sci Int.* 2002; 125: p. 212-216.

4 Albani P, Patel J, Fleming R. Background levels of male DNA in the vaginal cavity. *For Sci Int.:*
9. *Genet.* 2018 Mar; 33: p. 110-116.

5 van Oorschot R, Glavich G, Mitchell R. Persistence of DNA deposited by the original user on
0. objects after subsequent use by a second person. *For Sci Int.: Genet.* 2014; 8(1): p. 219-225.

5 Meakin G, Butcher E, van Oorschot R, Morgan R. Trace DNA evidence dynamics: An investigation
1. into the deposition and persistence of directly- and indirectly-transferred DNA on regularly-used
knives. *For Sci Int.: Genet.* 2017; 29: p. 38-47.

5 Lowe A, Murray C, Whitaker J, Tully G, Gill P. The propensity of individuals to deposit DNA and
2. secondary transfer of low level DNA from individuals to inert surfaces. *For Sci Int.* 2002; 129(1): p.
25-34.

- 5 Fonnelløp A, Ramse M, Egeland T, Gill P. The implications of shedder status and background DNA
3. on direct and secondary transfer in an attack scenario. *For Sci Int.: Genet.* 2017; 29: p. 48–60.
- 5 Poetsch M, Bajanowski T, Kamphausen T. Influence of an individual's age on the amount and
4. interpretability of DNA left on touched items. *Int J Legal Med.* 2013; 127(6): p. 1093–1096.
- 5 Kamphausen T, Schadendorf D, von Wurmb-Schwark N, Bajanowski T, Poetsch M. Good shedder
5. or bad shedder—the influence of skin diseases on forensic DNA analysis from epithelial abrasions.
Int J Legal Med. 2012; 126: p. 179–183.
- 5 Meakin G, Jaimeson A. DNA transfer: Review and implications for casework. *For Sci Int.: Genet.*
6. 2013; 7(4): p. 434-443.
- 5 Fonnelløp A, Egeland T, Gill P. Secondary and subsequent DNA transfer during criminal
7. investigation. *For Sci Int.: Genet.* 2015; 17: p. 155–162.
- 5 Szkuta B, Harvey M, Ballantyne K, van Oorschot R. DNA transfer by examination tools—a risk for
8. forensic casework? *For Sci Int.: Genet.* 2015; 16: p. 246–254.
- 5 Prieto L, Carracedo A. La valoración estadística de la prueba de ADN para juristas. In Cabezudo
9. Bajo MJ(). *Las bases de datos policiales de ADN. ¿Son realmente una herramienta eficaz en la
lucha contra la criminalidad grave nacional y transfronteriza?* Madrid: Ed. Dykinson; 2013. p. 277-
296.
- 6 Carracedo A, Prieto L. Valoración de la prueba genética. In Guillén MCyM. *ADN Forense:
0. problemas éticos y jurídicos.* Barcelona: Observatorio de Bioética y Derecho de la Universidad de
Barcelona, Colección de Bioética; 2014. p. 145-156.
- 6 Lucena Molina J. Parentela Blog. [Online].; 2018 [cited 2018 mayo 16. Available from:
1. http://familias.name/blog/18_02_21_Lucena_COMPRENDIENDO_LR_ADN.pdf.
- 6 de Keijser J, Elffers H. Understanding of forensic expert reports by judges, defense lawyers and
2. forensic professionals. *Psychology, Crime & Law.* 2012; 18(2): p. 191–207.
- 6 Kloosterman A, Sjerps M, Quak A. Error rates in forensic DNA analysis: definition, numbers, impact
3. and communication. *For Sci Int.: Genet.* 2014; 12: p. 77-85.
1. Executive Office of the President. President's Council of Advisors on Science and Technology.
obamawhitehouse.archives.gov. [Online]. Washington:
[https://obamawhitehouse.archives.gov/sites/default/files/microsites/ostp/PCAST/pcast_forensic
_science_report_final.pdf](https://obamawhitehouse.archives.gov/sites/default/files/microsites/ostp/PCAST/pcast_forensic_science_report_final.pdf); 2016 [cited 2018 June 15.
2. Gill P, Brenner C, Buckleton J, Carracedo A, Krawczak M, Mayr W, et al. DNA commission of the
International Society of Forensic Genetics: Recommendation on the interpretation of mixtures.

For Sci Int. 2006; 160: p. 90-101.

3. SWGDAM. Interpretation Guidelines for Autosomal STR Typing by Forensic DNA Testing Laboratories. [Online].; 2017 [cited 2018 02 07. Available from: https://docs.wixstatic.com/ugd/4344b0_50e2749756a242528e6285a5bb478f4c.pdf.
4. ENFSI. ENFSI Guideline for Evaluative Reporting in Forensic Science. [Online].; 2015 [cited 2018 Mayo 20. Available from: http://enfsi.eu/wp-content/uploads/2016/09/m1_guideline.pdf.
5. Amorim A, Crespillo M, Luque J, Prieto L, García O, Gusmão L, et al. Formulation and communication of evaluative forensic science expert opinion—A GHEP-ISFG contribution to the establishment of standards. For Sci Int.: Genet. 2016; 25: p. 210-213.
6. Gill P, Gusmao L, Haned H, Mayr W, Morling N, Parson W, et al. DNA Commission of the International Society for Forensic Genetics: Recommendations on the evaluation of STR typing results that may include drop-out and/or drop-in using probabilistic methods. For Sci Int.: Genet. 2012; 6(6): p. 679-688.
7. Prieto L, Montesino M, Rodríguez A, Arévalo C, Herráez R, Carracedo A. Valoración e interpretación de perfiles genéticos problemáticos. Boletín Gallego de Medicina Legal y Forense. Monográfico Genética Forense. 2014; 20: p. 87-97.
8. Haned H. Forensim: An open-source initiative for the evaluation of statistical methods in forensic genetics. For Sci Int.: Genet. 2011; 5(4): p. 265-268.
9. Haned H, Slooten K, Gill P. Exploratory data analysis for the interpretation of low template DNA mixtures. For Sci Int.: Genet. 2012; 6(6): p. 762-774.
- 1 Gill P, Haned H. A new methodological framework to interpret complex DNA profiles using 0. likelihood ratios. For Sci Int.: Genet. 2013; 7(2): p. 251-263.
- 1 Prieto L, Haned H, Mosquera A, Crespillo M, Alemañ M, Aler M, et al. EuroforGen-NoE 1. collaborative exercise on LRmix to demonstrate standardization of the interpretation of complex DNA profiles. For Sci Int.: Genet. 2014; 9: p. 47-54.
- 1 Bleka Ø, Benschop C, Storvik G, Gill P. A comparative study of qualitative and quantitative models 2. used to interpret complex STR DNA profiles. Forensic Sci Int.: Genet. 2016; 25: p. 85-96.
- 1 Curran J, Buckleton J. Uncertainty in the number of contributors for the European Standard. For 3. Sci Int.: Genet. 2014; 11: p. 205-206.
- 1 Taylor D, Bright J, Buckleton J. Interpreting forensic DNA profiling evidence without specifying the 4. number of contributors. For Sci Int.: Genet. 2014; 13: p. 269-280.
- 1 Egeland T, Dalen I, Mostad P. Estimating the number of contributors to a DNA profile. Int J Legal 5. Med. 2003; 117(5): p. 271-275.

- 1 Buckleton J, Curran J, Gill P. Towards understanding the effect of uncertainty in the number of contributors to DNA stains. *For Sci Int.: Genet.* 2007; 1(1): p. 20-28.
- 1 Tvedebrink T. On the exact distribution of the number of alleles in DNA mixtures. *Int J Legal Med.* 2014; 128(3): p. 427-437.
- 1 Gittelsohn S, Kalafut T, Myers S, Taylor D, Hicks T, Taroni F, et al. A Practical Guide for the Formulation of Propositions in the Bayesian Approach to DNA Evidence Interpretation in an Adversarial Environment. *J Forensic Sci.* 2016; 61: p. 186-195.
- 1 Cook R, Evett I, Jackson G, Jones P, Lambert J. A hierarchy of propositions: deciding which level to address in casework. *Sci. Justice.* 1998; 38: p. 231–239.
- 2 Evett I, Gill P, Jackson G, Whitaker J, Champod C. Interpreting small quantities of DNA: the hierarchy of propositions and the use of Bayesian networks. *J. Forensic Sci.* 2000; 47(3): p. 520–530.
- 2 Gill P. *Misleading DNA evidence: reasons for miscarriages of justice* London: Elsevier Academic Press; 2014.
- 2 Haned H, Gill P. Analysis of complex DNA mixtures using the Forensim package. *For Sci Int.: Genet. Supplement Series.* 2011; 3(1): p. e79-e80.
- 2 Mitchell A, Tamariz J, O'Connell K, Ducasse N, Budimlija Z, Prinz M, et al. Validation of a DNA mixture statistics tool incorporating allelic drop-out and drop-in. *For Sci Int.: Genet.* 2012; 6(6): p. 749-761.
- 2 Gill P, Kirkham A, Curran J. LoComatioN: A software tool for the analysis of low copy number DNA profiles. *For Sci Int.* 2007; 166(2-3): p. 128-138.
- 2 Inman K, Rudin N, Cheng K, Robinson C, Kirschner A, Inman-Semeran L, et al. Lab Retriever: a software tool for calculating likelihood ratios incorporating a probability of drop-out for forensic DNA profiles. *BMC Bioinformatics.* 2015; 16(1): p. 1-10.
- 2 Dørum G, Kaur N, Gysi M. Pedigree-based relationship inference from complex DNA mixtures. *Int J Legal Med.* 2017; 131: p. 629-641.
- 2 Balding D. Evaluation of mixed-source, low-template DNA profiles in forensic science. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America.* 2013; 110(30): p. 12241-12246.
- 2 Balding D, Timpson A, Steele C, d'Avezac M, Hetherington J. *LikeLTD: Tools to Evaluate DNA Profile Evidence.* ; 2016.
- 2 Taylor D, Bright J, Buckleton J. The interpretation of single source and mixed DNA profiles. *For Sci Int.: Genet.* 2013; 7: p. 516-528.

- 3 Cowell R, Graversen T, Lauritzen S, Mortera J. Analysis of forensic DNA mixtures with artefacts. *0. Appl. Statist.* 2015; 64(1): p. 1-32.
- 3 Bleka Ø, Storvik G, Gill P. EuroForMix: An open source software based on a continuous model to
1. evaluate STR DNA profiles from a mixture of contributors with artefacts. *For Sci Int.: Genet.* 2016;
21: p. 35-44.
- 3 Perlin M, Legler M, Spencer C, Smith J, Allan W, Belrose J, et al. Validating TrueAllele DNA Mixture
2. Interpretation. *J For Sciences.* 2011; 56: p. 1430-1447.
- 3 Puch-Solís R, Rodgers L, Mazumder A, Pope S, Evett I, Curran J, et al. Evaluating forensic DNA
3. profiles using peak heights, allowing for multiple donors, allelic dropout and stutters. *For Sci
Int.: Genet.* 2013; 7: p. 555-563.
- 3 Swaminathan H, Grgicak C, Medard M, Lun D. NOCI: A computational method to infer the
4. number of contributors to DNA samples analyzed by STR genotyping. *For Sci Int.: Genet.* 2015; 16:
p. 172-180.
- 3 Brenner C. Forensic Mathematics. [Online].; 2015 [cited 2018 Mayo 21. Available from:
5. <http://dna-view.com/downloads/Mixture%20Solution%20poster.pdf>.
- 3 Manabe S, Morimoto C, Hamano Y, Fujimoto S, Tamaki K. Development and validation of open-
6. source software for DNA mixture interpretation based on a quantitative continuous model. *PLoS
ONE.* 2017; 12(11): p. e0188183.
- 3 EuroforGenNoE. Making sense of Forensic Genetics London: Sense about Science,
7. <http://senseaboutscience.org/activities/making-sense-of-forensic-genetics/>; 2017.
- 3 Raymond J, van Oorschot R, Gunn P, Walsh S, Roux C. Trace evidence characteristics of DNA: A
8. preliminary investigation of the persistence of DNA at crime scenes 2009. *For Sci Int.: Genet.* 2009;
4(1): p. 26-33.
- 3 Helmus J, Zorell S, Bajanowski T, Poetsch M. Persistence of DNA on clothes after exposure to
9. water for different time periods-a study on bathtub, pond, and river. *Int J Leg Med.* 2018; 132(1):
p. 99-106.
- 4 Brayley-Morrison H, Sorrell A, Revoir A, Meakin G. Persistence of DNA from laundered semen
0. stains: Implications for child sex trafficking cases. *For Sci Int.: Genet.* 2015; 19: p. 165-171.
- 4 Raymond J, van Oorschot R, Gunn P, Walsh S, Roux C. Trace DNA analysis: Do you know what your
1. neighbor is doing?: A multi-jurisdictional survey. *For Sci Int.: Genet.* 2007; 2(1): p. 19-28.
- 4 Benschop C, Wiebosch D, Kloosterman A, Sijen T. Post-coital vaginal sampling with nylon flocked
2. DNA swabs improves DNA typing. *For Sci Int.: Genet.* 2009; 4(2): p. 115-121.
- 4 Cook O, Dixon L. The prevalence of mixed DNA profiles in fingernail samples taken from

3. individuals in the general population. *For Sci Int.: Genet.* 2007; 1(1): p. 62-68.
- 4 Matte M, Williams L, Frappier R, Newman J. Prevalence and persistence of foreign DNA beneath 4. fingernails. *For Sci Int.: Genet.* 2012; 6(2): p. 236-243.
- 4 Iuvaro A, Bini C, Dilloo S, Sarno S, Pelotti S. Male DNA under female fingernails after scratching: 5. transfer and persistence evaluation by RT-PCR analysis and Y-STR typing. *Int J Leg Med.* 2018;; p. <https://doi.org/10.1007/s00414-018-1839-z>.
- 4 Flanagan N, McAlister C. The transfer and persistence of DNA under the fingernails following 6. digital penetration of the vagina. *For Sci Int.: Genet.* 2011; 5(5): p. 479-483.
- 4 Speck P, Ballantyne J. *Post-coital DNA Recovery Study.* ; 2015.
- 7.
- 4 Sibille I, Duverneuil C, Lorin de la Grandmaison G, Guerrouache K, Teissière F, Durigon M, et al. Y- 8. STR DNA amplification as biological evidence in sexually assaulted female victims with no cytological detection of spermatozoa. *For Sci Int.* 2002; 125: p. 212-216.
- 4 Albani P, Patel J, Fleming R. Background levels of male DNA in the vaginal cavity. *For Sci Int.:* 9. *Genet.* 2018 Mar; 33: p. 110-116.
- 5 van Oorschot R, Glavich G, Mitchell R. Persistence of DNA deposited by the original user on 0. objects after subsequent use by a second person. *For Sci Int.: Genet.* 2014; 8(1): p. 219-225.
- 5 Meakin G, Butcher E, van Oorschot R, Morgan R. Trace DNA evidence dynamics: An investigation 1. into the deposition and persistence of directly- and indirectly-transferred DNA on regularly-used knives. *For Sci Int.: Genet.* 2017; 29: p. 38-47.
- 5 Lowe A, Murray C, Whitaker J, Tully G, Gill P. The propensity of individuals to deposit DNA and 2. secondary transfer of low level DNA from individuals to inert surfaces. *For Sci Int.* 2002; 129(1): p. 25–34.
- 5 Fonnelløp A, Ramse M, Egeland T, Gill P. The implications of shedder status and background DNA 3. on direct and secondary transfer in an attack scenario. *For Sci Int.: Genet.* 2017; 29: p. 48–60.
- 5 Poetsch M, Bajanowski T, Kamphausen T. Influence of an individual's age on the amount and 4. interpretability of DNA left on touched items. *Int J Legal Med.* 2013; 127(6): p. 1093–1096.
- 5 Kamphausen T, Schadendorf D, von Wurmb-Schwark N, Bajanowski T, Poetsch M. Good shedder 5. or bad shedder—the influence of skin diseases on forensic DNA analysis from epithelial abrasions. *Int J Legal Med.* 2012; 126: p. 179–183.
- 5 Meakin G, Jaimeson A. DNA transfer: Review and implications for casework. *For Sci Int.: Genet.* 6. 2013; 7(4): p. 434-443.
- 5 Fonnelløp A, Egeland T, Gill P. Secondary and subsequent DNA transfer during criminal

7. investigation. *For Sci Int.: Genet.* 2015; 17: p. 155–162.

5 Szkuta B, Harvey M, Ballantyne K, van Oorschot R. DNA transfer by examination tools—a risk for forensic casework? *For Sci Int.: Genet.* 2015; 16: p. 246–254.

5 Prieto L, Carracedo A. La valoración estadística de la prueba de ADN para juristas. In Cabezudo B, Bajo MJ(). *Las bases de datos policiales de ADN. ¿Son realmente una herramienta eficaz en la lucha contra la criminalidad grave nacional y transfronteriza?* Madrid: Ed. Dykinson; 2013. p. 277-296.

6 Carracedo A, Prieto L. Valoración de la prueba genética. In Guillén MCyM. *ADN Forense: problemas éticos y jurídicos.* Barcelona: Observatorio de Bioética y Derecho de la Universidad de Barcelona, Colección de Bioética; 2014. p. 145-156.

6 Lucena Molina J. Parentela Blog. [Online].; 2018 [cited 2018 mayo 16. Available from:
1. http://familias.name/blog/18_02_21_Lucena_COMPRENDIENDO_LR_ADN.pdf.

6 de Keijser J, Elffers H. Understanding of forensic expert reports by judges, defense lawyers and forensic professionals. *Psychology, Crime & Law.* 2012; 18(2): p. 191–207.

6 Kloosterman A, Sjerps M, Quak A. Error rates in forensic DNA analysis: definition, numbers, impact and communication. *For Sci Int.: Genet.* 2014; 12: p. 77-85.