

ForensicMarkers: un programa para el cálculo de parámetros forenses

ForensicMarkers: a tool for calculating forensic parameters

Jose A. Peña, Miguel A. Alfonso-Sánchez

Dpto Genética, Antropología Física y Fisiología Animal. Fac. Ciencia y Tecnología. Universidad del País Vasco (UPV/EHU). E-mail: joseangel.pena@ehu.eus

Palabras clave: Programa informático, Parámetros forenses.

Keywords: Software, Forensic parameters.

Resumen

ForensicMarkers es un programa informático cuyo propósito es viabilizar la estimación conjunta de los parámetros esenciales en el análisis forense, como son la probabilidad de coincidencia, la capacidad de discriminación, la capacidad de exclusión, el índice de paternidad, el contenido de información polimórfica y las proporciones esperadas de homocigotos y heterocigotos. ForensicMarkers es un programa multiplataforma desarrollado en Java, que se distingue por presentar un fichero de entrada de datos cuyo formato resulta sencillo e intuitivo. Es, además, compatible con otro programa destinado a la estimación de parámetros de interés en los estudios de genética de poblaciones, como es el caso de GeDis.

Abstract

ForensicMarkers is a cross-platform software developed with the Java programming language. It has been designed to perform simultaneous estimates of some key parameters in forensic analysis, such as matching probability, power of discrimination, power of exclusion, typical paternity index, polymorphic information content, and homozygosity and heterozygosity indexes. In this computer program, data input is very simple and user-friendly. In addition, data input format is also compatible with another program devised by these authors for the calculation of population genetic parameters, as the case of the GeDis software.

Introducción

Existen numerosos programas para el tratamiento de datos en el ámbito de la genética forense; sin embargo, resulta complicado encontrar uno con el cual poder estimar, en una misma ejecución y partiendo de frecuencias alélicas o haplotípicas, los parámetros forenses más habituales. Así, en numerosos trabajos donde se calculan estos parámetros no se refiere ninguna herramienta informática específica, mientras que en otros se suele citar el programa Powerstats, actualmente no disponible para su descarga. Existen otros programas que permiten calcular parámetros forenses, pero con frecuencia presentan formatos poco amigables para la introducción de los datos o bien son programas comerciales.

El programa ForensicMarkers ha sido diseñado con el fin de obtener los principales indicadores de utilidad forense de forma relativamente sencilla, partiendo de un formato de entrada de datos amigable y compatible con otros programas. Una ventaja adicional del programa es que permite el uso de frecuencias alélicas o haplotípicas (mucho más asequibles que los genotipos individuales), tanto para explorar las posibilidades de diferentes marcadores genéticos como con fines educativos. Al haber sido programado en lenguaje Java, ForensicMarkers es un programa multiplataforma, lo cual posibilita su ejecución en diferentes sistemas operativos. La entrada de datos se realiza mediante una hoja de cálculo, con el mismo formato utilizado en otros programas creados por estos autores, como es el caso de GeDis (Peña *et al*, 2009).

Ejecución del programa

Para poder utilizar el programa ForensicMarkers se requiere como condición imprescindible tener instalado Java previamente. Además, es preciso descomprimir el fichero denominado ForensicMarkers.zip.

Para iniciar el programa en cualquier sistema operativo, se abrirá un terminal, en el que se accederá al directorio donde se encuentra el programa y se escribirá:

```
java -jar ForensicMarkers.jar
```

No obstante, en determinados sistemas operativos bastará con hacer doble clic sobre el fichero ForensicMarkers.jar.

Formato de datos

En ForensicMarkers los datos se leen desde un fichero con formato xls. Los ficheros Excel con extensiónxlsx darán error.

El formato del archivo de datos se estructura de la forma que se describe a continuación (Figura 1).

Casilla A1: Número de poblaciones.

Casilla B1: Número de marcadores genéticos utilizados.

Fila 2, desde la casilla A2 en adelante: Número de alelos de cada marcador, hasta el total de marcadores especificados en la casilla B1.

Fila 3, desde la casilla B3 en adelante: Etiquetas de las poblaciones. Pueden contener espacios, símbolos y no hay límite para su tamaño. No se lee la casilla A3.

Fila 4: en la casilla A4, etiqueta del primer alelo y desde la casilla B4 en adelante, frecuencias del alelo en todas las poblaciones.

Fila 5 y sucesivas, hasta el número total de alelos indicados en la fila 2: mismo formato que en la fila 4.

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K
1	10	8									
2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
3		BSQG	VLNC	FRNC	GREC	ALBN	UKRN	ALGR	KUNG	STHT	BLAK
4	TPA25	0,553	0,556	0,56	0,552	0,557	0,518	0,532	0,17	0,33	0,21
5	ACE	0,425	0,387	0,48	0,26	0,467	0,404	0,266	0,29	0,38	0,12
6	APO	0,95	0,94	0,99	0,977	1	0,964	0,915	0,88	0,68	0,74
7	PV92	0,239	0,232	0,23	0,19	0,203	0,235	0,287	0,2	0,29	0,26
8	A25	0,156	0,104	0,16	0,098	0,075	0,077	0,166	0,61	0,39	0,55
9	B65	0,557	0,529	0,57	0,651	0,67	0,53	0,734	0,5	0,48	0,78
10	D1	0,473	0,322	0,46	0,409	0,267	0,412	0,149	0,16	0,31	0,47
11	FXIIIIB	0,441	0,476	0,42	0,5	0,6	0,441	0,515	0,17	0,18	0

Figura 1. Formato de los datos para ForensicMarkers.
Figure 1. Input data for ForensicMarkers.

Opciones del menú

Input / Read Data

Como paso previo a cualquier análisis, esta opción permite que el programa lea los datos de la hoja de cálculo que se haya seleccionado, de acuerdo con el formato especificado en la sección anterior.

Si no hay errores insalvables en el formato, en la parte inferior de la pantalla se indicará que el fichero es correcto. Además, aparecerá una hoja con los datos introducidos con el objetivo de poder verificarlos (Figura 2). Esta ventana es meramente informativa, de modo que no es posible corregir los datos en ella. Para hacer una corrección de datos erróneos es preciso modificarlos en el fichero original.



Figura 2. Ventana de ForensicMarkers tras la lectura de datos.

Figure 2. Window of ForensicMarkers after reading the data.

Calculate / Forensic parameters

Esta es la opción principal del programa, mediante la cual es posible calcular los diferentes parámetros de interés forense. El programa ofrece un listado con todos los valores de los parámetros probabilidad de coincidencia, capacidad de discriminación, capacidad de exclusión, índice de paternidad, contenido de información polimórfica y proporciones esperadas de homocigotos y heterocigotos (Figura 3). Los valores de los parámetros forenses aparecerán ordenados por marcadores genéticos y poblaciones.

Una descripción de las fórmulas utilizadas para la estimación de las diferentes variables forenses puede encontrarse en Goodwin *et al* (2007).

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N
1	ForensicMarkers v.1.0 @Jose A. Peña 2015													
2														
3				Match	Combined	Power of	Combined	Power of	Combined	Typical	Polymorphism			
4				probability	match prob	discriminati	Power of di	exclusion	Power of ex	paternity in	information content			
5	Population	Locus	PM		PMcomb	PD	PDcomb	PE	PEcomb	PI	PIC	Homozygote	Heterozygotes	
6	WAOR		1	0.375	0,027574	0.625	0,972426	0.1675	0,440655		1	0.375	0.5	0.5
7			2	1		0		0		0.5	0	1	0	
8			3	1		0		0		0.5	0	1	0	
9			4	0.880977		0.119023		0.00347		0.533296	0.060486	0.937565	0.062436	
10			5	0.755354		0.244646		0.014789		0.578668	0.126964	0.863755	0.136245	
11			6	1		0		0		0.5	0	1	0	
12			7	0.377718		0.622282		0.182661		0.989412	0.37231	0.505351	0.494649	
13			8	0.672255		0.327745		0.027446		0.618297	0.173024	0.808673	0.191327	
14			9	0.435167		0.564833		0.117679		0.841908	0.323648	0.593689	0.406111	
15			10	1		0		0		0.5	0	1	0	
16	CINT		1	0.378933	0,008387	0.621067	0,991613	0.180661	0,523831	0,984657	0,371126	0,507688	0,492312	
17			2	0.540315		0.459685		0.061586		0,709421	0,251628	0,7048	0,2952	
18			3	0.855247		0.144753		0.005126		0,541594	0,073851	0,9232	0,0768	
19			4	0.376457		0.623543		0.184985		0,994257	0,373552	0,502688	0,497112	
20			5	1		0		0		0.5	0	1	0	
21			6	0.787669		0.212331		0.011071		0,565811	0,109548	0,883688	0,116312	
22			7	0.375362		0.624638		0.186869		0,996558	0,374639	0,500722	0,499278	
23			8	0.634277		0.365723		0.035074		0,64	0,194824	0,78125	0,21875	
24			9	0.799367		0.200633		0.00987		0,561339	0,103302	0,890728	0,109272	
25			10	0.84877		0.15123		0.005595		0,543757	0,077234	0,919528	0,080472	
26	GAVI		1	0.505069	0,012068	0.494931	0,987932	0.075952	0,449473	0,744382	0,274411	0,671698	0,328302	
27			2	0.754077		0.245923		0.014948		0,579407	0,127857	0,862952	0,137048	
28			3	1		0		0		0.5	0	1	0	
29			4	0.681653		0.318347		0.025758		0,613333	0,16771	0,815218	0,184782	
30			5	1		0		0		0.5	0	1	0	
31			6	1		0		0		0.5	0	1	0	
32			7	0.407556		0.592444		0.143179		0,69964	0,346555	0,555778	0,444222	
33			8	0.580708		0.419292		0.04855		0,676195	0,22662	0,739432	0,260568	
34			9	0.378679		0.621322		0.181277		0,985904	0,371374	0,5072	0,4928	
35			10	0.51866		0.48134		0.089966		0,730106	0,265503	0,684832	0,315168	

Figura 3. Hoja de cálculo con los resultados del programa.

Figure 3. Spreadsheet with the output.

Descargar ForensicMarkers

El programa ForensicMarkers se encuentra disponible para su descarga en el sitio web <http://www.didac.ehu.es/antropogenetica>, específicamente en la sección software.

El fichero disponible en esta dirección url se denomina ForensicMarkersFolder.zip e incluye (comprimidos), el archivo ejecutable ForensicMarkers.jar y una carpeta con imágenes usadas por el programa.

Bibliografía

- Goodwin, W., Linacre, A., Hadi, S. 2007. An introduction to forensic genetics. John Wiley & Sons.
- Peña, J.A., Alfonso-Sánchez, M.A., Pérez-Miranda, A.M., García-Obregón, S., Gómez-Pérez, L., 2009, GeDis: Un programa para análisis de datos en Antropogenética. Antropo, 20, 49-56. www.didac.ehu.es/antropo