

UNOFFICIAL TRANSLATION

This document has been translated from its original language using DeepL Pro (AI translation technology) in order to make more content available to HIV Justice Academy users. We acknowledge the limitations of machine translation and do not guarantee the accuracy of the translated version.

No copyright infringement is intended. If you are the copyright holder of this document and have any concerns, please contact academy@hivjustice.net.

TRADUCTION NON OFFICIELLE

Ce document a été traduit de sa langue d'origine à l'aide de DeepL Pro (une technologie de traduction en ligne basée sur l'intelligence artificielle) pour offrir aux utilisateurs de HIV Justice Academy une plus grande sélection de ressources. Nous sommes conscients des limites de la traduction automatique et ne garantissons donc pas l'exactitude de la traduction.

Aucune violation des droits d'auteur n'est intentionnelle. Si vous êtes le détenteur des droits d'auteur associés à ce document et que sa traduction vous préoccupe, veuillez contacter academy@hivjustice.net.

TRADUCCIÓN NO OFICIAL

Este documento fue traducido de su idioma original usando DeepL Pro (una aplicación web basada en inteligencia artificial) a fin de facilitar la lectura del contenido para los usuarios de la HIV Justice Academy. Reconocemos las limitaciones de las traducciones realizadas a través de este tipo de tecnología y no podemos garantizar la precisión de la versión traducida.

No se pretende infringir los derechos de autor. Si usted es el titular de los derechos de autor de este documento y tiene alguna duda, pónganse en contacto con academy@hivjustice.net.

НЕОФИЦИАЛЬНЫЙ ПЕРЕВОД

Этот документ был переведен с языка оригинала с помощью DeepL Pro (технологии перевода на основе искусственного интеллекта), чтобы обеспечить доступ пользователей Академии правосудия по ВИЧ к большему объему контента. Мы отдаем себе отчет в ограниченных возможностях машинного перевода и не гарантируем точности переведенной версии документа

Мы не имели намерения нарушить чьи-либо авторские права. Если вам принадлежат авторские права на этот документ, и у вас имеются возражения, пожалуйста, напишите нам на адрес academy@hivjustice.net

Análisis forense del VIH: escollos y normas aceptables en el uso del análisis filogenético como prueba en las investigaciones penales de la transmisión del VIH*.

EJ Bernard,¹ Y Azad,² AM Vandamme,³ M Weait⁴ y AM Geretti⁵

¹NAM, Londres, Reino Unido, ²National AIDS Trust, Londres, Reino Unido, ³Rega Institute for Medical Research, Katholieke Universiteit Leuven, Lovaina, Bélgica, ⁴Research Institute for Law, Politics and Justice, Keele University, Staffordshire, Reino Unido, ⁵Department of Virology, Royal Free Hospital and Royal Free & University College Medical School, Londres, Reino Unido

Antecedentes

El análisis filogenético -el estudio del parentesco genético entre las cepas del VIH- se ha utilizado recientemente en juicios penales como prueba de la responsabilidad en la transmisión del VIH. En estos juicios, la opinión experta de los virólogos ha sido de vital importancia.

Escollos

El análisis filogenético de las secuencias genéticas del VIH es complejo y sus conclusiones no alcanzan los niveles de certeza que se obtienen con el análisis forense del ADN humano. Aunque dos individuos pueden ser portadores de cepas del VIH estrechamente relacionadas, éstas no serán necesariamente exclusivas de las dos partes y podrían extenderse a otras personas dentro de la misma red de transmisión.

Normas aceptables

Para fines forenses, el análisis filogenético debe realizarse en condiciones estrictamente controladas por laboratorios con experiencia relevante que apliquen métodos rigurosos. Es de vital importancia incluir los controles adecuados, que deben ser epidemiológicamente y temporalmente relevantes para las partes investigadas. El uso de controles inadecuados puede exagerar cualquier parentesco entre las cepas de virus del demandante y del demandado como si fueran sorprendentemente únicas. A menudo será difícil obtener los controles pertinentes. Si se utilizan controles convenientes pero menos apropiados, la interpretación de los resultados debe atenuarse en consecuencia.

Conclusiones

El análisis filogenético no puede demostrar que la transmisión del VIH se produjo directamente entre dos individuos. Sin embargo, puede exonerar a los individuos demostrando que el acusado es portador de una cepa del virus no relacionada con la del denunciante. Los peritos deben reconocer las limitaciones de las inferencias que pueden hacerse y elegir el lenguaje correcto tanto en el testimonio escrito como en el verbal.

Palabras clave: análisis filogenético, investigación criminal, transmisión del VIH, investigación forense, epidemiología molecular

Recibido: 19 de febrero de 2007, aceptado el 20 de abril de 2007

Introducción

Desde 2001, se han producido varios procesos en el Reino Unido por transmisión sexual del VIH, y hay más casos pendientes de juicio. En Inglaterra y Gales, las personas han sido

condenado por "transmisión imprudente del VIH" en virtud del artículo 20 de la Ley de delitos contra la persona (OAPA) de 1861. No existe un delito de comportamiento de riesgo, de exposición a otros al riesgo de transmisión o de "puesta en peligro".¹ En pocas palabras, hay que probar dos hechos:

*Una versión más larga de este documento fue publicada originalmente por NAM y el National AIDS Trust en marzo de 2007.

Correspondencia: Sr. Edwin J. Bernard, Editor, *AIDS Treatment Update*, NAM, Lincoln House, 1 Brixton Road, London SW9 6DE, UK. Tel: 1 44 07005 963523; fax: 1 44 07005 802731; correo electrónico: edwin@nam.org.uk

¹En Escocia existe un delito de derecho común independiente de "lesiones imprudentes", en virtud del cual se han llevado a cabo procesamientos. En Escocia, también es posible que se lleven a cabo procesamientos por la exposición al VIH, como "imprudencia temeraria", aunque hasta la fecha no se ha producido ninguno.

- (1) que el acusado infectó al denunciante, y
- (2) que el acusado fue "imprudente" (es decir, que en el tiempo relevante era consciente del riesgo de infectar al denunciante).

En su proyecto de política sobre el "Enjuiciamiento de casos de transmisión sexual de infecciones que causan daños corporales graves" [1], la Fiscalía de la Corona (CPS) exige pruebas científicas para respaldar un caso de enjuiciamiento, incluso cuando el acusado desea declararse culpable. Un acusado puede "sentirse culpable" por haber mantenido relaciones sexuales sin protección y sin revelar su condición de seropositivo, pero esto no es lo mismo que saber que es realmente la fuente de la infección del denunciante.

El análisis filogenético -el estudio del grado de parentesco entre las secuencias genéticas del VIH- se ha utilizado como prueba científica para determinar si el acusado y el denunciante comparten cepas de VIH similares. Sin embargo, la prueba pericial en el único juicio que acabó con la absolución

[2] demostró graves fallos en la forma en que se han utilizado estas pruebas científicas. Muchas de las cuestiones relacionadas con el uso y la interpretación correctos de la ciencia forense del VIH ya se han planteado anteriormente en Estados Unidos y en Europa. El objetivo de este artículo es abordar la suposición, todavía muy extendida pero incorrecta, de que el análisis filogenético puede proporcionar pruebas definitivas del origen, la ruta, la dirección y el momento de la transmisión del VIH. De hecho, existen muchas limitaciones en cuanto a lo que estas pruebas científicas pueden demostrar sin lugar a dudas.

Uno de los requisitos para probar la imprudencia es que la infección se haya producido *después de* que el acusado conociera su condición de seropositivo. Por lo tanto, establecer el momento de la infección por el VIH es muy relevante para el caso. Cuando existe la posibilidad de que la transmisión se produjera antes del diagnóstico de VIH del acusado o después de que la denunciante conociera el estado seropositivo del acusado, dicho conocimiento será relevante para la cuestión de si el acusado puede plantear la defensa del consentimiento.

Por lo tanto, existen verdaderas complejidades a la hora de probar que la transmisión del VIH se produjo entre dos personas. La construcción de un caso de acusación y, sobre todo, la extracción de las conclusiones correctas requerirá normalmente una combinación de pruebas científicas y otras pruebas clínicas y epidemiológicas, incluido un historial de salud sexual detallado y documentado tanto del acusado como del denunciante.

Casos y precedentes legales

El uso forense del análisis filogenético de las secuencias del VIH se hizo público por primera vez en 1990, cuando los Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades de los Estados Unidos

(CDC) comenzó a investigar la supuesta transmisión del VIH de un dentista de Florida a sus pacientes durante el curso de una cirugía dental [3]. La investigación duró 2 años, durante los cuales el dentista murió. Aunque los informes de los CDC [4,5] concluyeron que hasta seis pacientes podrían haber sido infectados por el dentista, siguen existiendo dudas sobre la metodología utilizada [6] y nunca se presentaron cargos penales contra el dentista.

En julio de 1991, varios medios de comunicación estadounidenses publicaron el nombre de un segundo dentista de Florida al que se le había diagnosticado SIDA, y que posteriormente había cerrado su consulta debido a su mala salud. El análisis filogenético realizado por los investigadores del CDC exonera al dentista al concluir que no había infectado a ninguno de sus 28 pacientes seropositivos [7,8].

El análisis filogenético se utilizó por primera vez como prueba en un tribunal de Suecia en 1992. Un hombre seropositivo ya había sido condenado por violación y transmisión deliberada del VIH en el tribunal de distrito de Estocolmo, sin utilizar pruebas forenses. Para preparar su apelación, la fiscalía pidió al virólogo Dr. Jan Albert y a sus colegas del Instituto Karolinska y del Real Instituto de Tecnología de Estocolmo que determinarían si el sospechoso y su presunta víctima compartían cepas de VIH similares. Sobre la base de su análisis filogenético y de otras pruebas del caso, la sentencia del tribunal de distrito fue confirmada en el tribunal de apelación. Es importante destacar", escribieron Albert y sus colegas, "que aunque nuestra investigación demostró que las cepas portadas por el hombre y la mujer estaban epidemiológicamente relacionadas, no pudimos determinar la dirección de la transmisión, ni pudimos descartar formalmente la posibilidad de que tanto el hombre como la mujer estuvieran infectados por un tercero. Por lo tanto, era esencial que los resultados de nuestra investigación de la secuencia se utilizaran junto con otra información epidemiológica del caso". [9]

En el caso de 1997 del *Estado de Luisiana contra Richard J. Schmidt*, un médico fue acusado de haber intentado matar a su ex pareja inyectándole sangre infectada por el VIH y el virus de la hepatitis C obtenida de sus pacientes. El análisis filogenético se consideró admisible en una audiencia preliminar, y luego fue impugnado por la defensa. El Tribunal de Apelación de Luisiana consideró que el análisis filogenético cumplía las normas judiciales de admisibilidad de las pruebas [10]. El Dr. Schmidt fue declarado culpable de intento de asesinato en segundo grado y el veredicto fue confirmado por el Tribunal Supremo del Estado de Luisiana y el Tribunal Supremo de los Estados Unidos. El virólogo Dr. Michael Metzger y sus colegas -que habían realizado el análisis filogenético en nombre del Estado de Luisiana- escribieron en un artículo de 2002 en el que detallaban sus métodos: "El precedente para el uso del análisis filogenético para apoyar o rechazar casos de transmisión viral criminal ha sido así establecido en los tribunales de justicia de los Estados Unidos". Subrayaron

que "el papel cada vez más importante que desempeñan los métodos científicos y la comprobación de hipótesis en el sistema jurídico desafía a los científicos a mantener los niveles más altos posibles de rigor y objetividad" [11].

El primer uso de los análisis filogenéticos de la secuencia del VIH como prueba admitida en un tribunal penal estadounidense mostró los siguientes aspectos clave.

- Antes de las pruebas filogenéticas se disponía de pruebas claras de una posible transmisión entre dos individuos.
- Las pruebas aportadas por el análisis filogenético eran sólo una parte del caso de la acusación.
- Diferentes laboratorios realizaron pruebas independientes.
- Se obtuvieron controles apropiados de la población local.

Otras jurisdicciones, aparte de las de Escocia (2001) e Inglaterra y Gales (2003), han permitido que el análisis filogenético se utilice como prueba forense en los procesos penales por transmisión del VIH. Entre ellos se encuentra un hombre procesado en Australia por transmitir el VIH "a sabiendas y por imprudencia" durante la violación de un discapacitado intelectual [12]; un hombre condenado a 6 años de prisión en Dinamarca por abusar sexualmente de un niño de 12 años y transmitirle también el VIH [13]; y un hombre procesado por violar y transmitir el VIH a seis mujeres en Bélgica [14].

El peso del testimonio de los expertos en un tribunal²

La prueba de los virólogos llamados a presentar los resultados del análisis filogenético se considera una prueba pericial, que es una forma de prueba de opinión. Los peritos pueden testificar dentro de su ámbito de competencia, lo que incluye la explicación de información técnica y la expresión de una opinión sobre la importancia de dicha información; no se les permite expresar opiniones sobre asuntos que son de la competencia ordinaria del jurado (la regla Turner).³

Tradicionalmente, el derecho común impedía que un perito diera una opinión sobre el hecho último en cuestión, lo que incluye si un acusado era el origen de la infección por VIH de un demandante. Esto parece haberse abandonado. Cuando se emite la opinión de un perito sobre una cuestión final, es importante que se le diga al jurado que no está obligado a seguir la opinión del perito y que es él quien debe decidir.

²Esto se refiere únicamente a la legislación de Inglaterra y Gales.

³*R v Turner* [1975] 1 All ER 70. "... los peritos deben proporcionar al tribunal los criterios científicos necesarios para comprobar la exactitud de sus conclusiones, de modo que el juez o el jurado puedan formarse su propio juicio independiente mediante la aplicación de estos criterios a los hechos probados en las pruebas". (*R v Gilfoyle* [2001] 2 Cr App R 5).

decidir el peso que le dan. Sin embargo, es un error indicar a un jurado que puede ignorar las pruebas científicas cuando la única prueba de este tipo que se presenta sobre una cuestión concreta dicta una respuesta y sólo un científico está cualificado para darla [15].

En los casos de transmisión del VIH, la opinión experta de los virólogos es de vital importancia. Se les puede permitir expresar una opinión sobre si las pruebas filogenéticas son lo suficientemente convincentes como para indicar que el acusado fue la única fuente posible de la infección del demandante.

Posibles escollos en el uso del análisis filogenético del VIH con fines forenses

La fiabilidad del análisis filogenético para investigar la transmisión del VIH entre dos individuos debe abordarse con cierto detalle. Deben tenerse en cuenta las siguientes consideraciones.

El análisis filogenético se utiliza con mayor frecuencia en el contexto de la investigación científica sobre poblaciones generales y no sobre individuos concretos. En el ámbito de la investigación, el análisis filogenético puede tolerar, y de hecho lo hace, un cierto grado de aproximación y error.

Para fines forenses, la secuenciación del VIH y el análisis filogenético de las secuencias se realizan comúnmente en entornos de investigación y no en instalaciones forenses acostumbradas a manipular muestras bajo vigorosos sistemas de seguimiento de muestras. Por lo tanto, el entorno no suele ser comparable al de los laboratorios forenses que realizan análisis de ADN humano y es probable que las condiciones experimentales sean menos estrictas. La fuerza de cualquier vínculo aparente entre dos cepas del VIH no puede acercarse a los niveles de certeza que generalmente se esperan de los análisis de ADN humano utilizados habitualmente en

tribunales penales.

Los resultados del análisis filogenético se representan como árboles filogenéticos, en los que cada rama del árbol representa la secuencia del VIH de una muestra individual. En el análisis, las secuencias del VIH de las dos partes investigadas se comparan con las secuencias derivadas de otras personas infectadas por el VIH. Estas últimas representan los "controles". Cuando se construye un árbol filogenético para el análisis forense del VIH, es vital que el árbol sea lo menos sesgado posible y esto implica utilizar controles bien elegidos. El uso de controles inadecuados puede enfatizar erróneamente cualquier parentesco detectado entre dos cepas del VIH que se estén investigando como algo sorprendentemente único. La obtención de los controles correctos plantea otras cuestiones relacionadas con el consentimiento para el uso de los datos de secuenciación y la protección de las bases de datos generadas en la práctica clínica habitual. (En la referencia 19 se pueden encontrar más discusiones sobre las dificultades en torno al consentimiento). En la mayoría

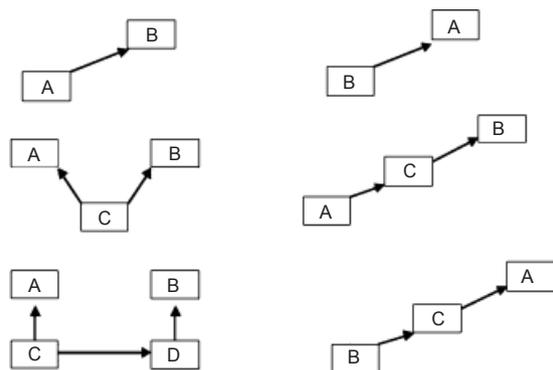


Fig. 1 Cómo pueden estar conectados dos individuos con cepas del VIH relacionadas. Si tomamos dos individuos (A y B) infectados con cepas del VIH que están relacionadas por el análisis filogenético, se pueden proponer varios escenarios que pueden dar resultados similares en el árbol filogenético. Las flechas indican la dirección de la transmisión. C y D se refieren a terceros.

imposible obtener muestras de los controles adecuados. En estas circunstancias, pueden descargarse conjuntos de controles convenientes de bases de datos públicas. Sin embargo, la interpretación de los resultados deberá ser especialmente cautelosa.

Cuando el análisis filogenético muestra que las dos cepas del VIH investigadas están más relacionadas entre sí que con las cepas de control, es importante recordar que pueden encontrarse cepas del VIH similares en muchos más de dos individuos si uno o ambos forman parte de una red de transmisión más amplia. La mayoría de los individuos infectados por el VIH forman parte de una red de este tipo. En consecuencia, incluso con los controles adecuados, el análisis filogenético no puede demostrar la transmisión. Todas las circunstancias siguientes pueden dar resultados similares en el análisis filogenético (Fig. 1):

- el acusado fue contagiado por el denunciante;
- el denunciante fue infectado por un tercero con una cepa viral similar;
- tanto el denunciante como el acusado fueron infectados por uno o más terceros con cepas virales similares;
- el demandante ya era seropositivo y fue re-infectado (también conocido como super-infectado) con otra cepa de VIH, ya sea por el acusado o por un tercero.

Los laboratorios deben tener mucho cuidado al realizar análisis filogenéticos de secuencias del VIH generadas con fines rutinarios (normalmente pruebas de resistencia a los medicamentos), ya que la identificación de posibles "coincidencias" puede tener graves implicaciones. Deben adoptarse directrices claras sobre cuándo y cómo debe realizarse el análisis y si debe obtenerse el consentimiento y comunicarse los resultados a los pacientes.

Normas aceptables

Dadas las consideraciones anteriores, las pruebas de los árboles filogenéticos deben considerarse en el contexto de la totalidad de las demás pruebas y nunca ser el punto de partida o el punto central de una investigación. Además, el análisis debe cumplir ciertos requisitos [14, 16, 17]. El proceso debe cumplir las normas judiciales de admisibilidad de las pruebas.

Metodología

Es fundamental que se tomen precauciones para minimizar la posibilidad de que se produzcan errores en las muestras (por ejemplo, por contaminación o etiquetado incorrecto). El mantenimiento de la cadena de custodia debe recibir la máxima prioridad, y los movimientos de las muestras deben registrarse minuciosamente y aplicarse protocolos rigurosos. Sólo hay unos pocos laboratorios con la experiencia adecuada. Si se solicita un análisis filogenético a un laboratorio de investigación sin experiencia forense, es tarea del solicitante insistir en la importancia del seguimiento de las muestras.

Para minimizar el riesgo de errores de laboratorio, deben analizarse al menos dos muestras de cada parte investigada en dos momentos diferentes, y los resultados deben ser coherentes.

Es preferible que quienes realicen las pruebas y los análisis filogenéticos no conozcan la identidad de las muestras investigadas. Dado que hay muchas formas de construir y analizar los árboles filogenéticos, quienes realicen el análisis no deben conocer la dirección de transmisión propuesta ni las demás circunstancias del caso.

Por lo tanto, lo ideal es que las muestras de cada persona se analicen en dos laboratorios independientes en condiciones de ceguera, eliminando así la posibilidad de errores de laboratorio y el sesgo del investigador.

Deben secuenciarse al menos dos regiones genéticas de longitud razonable (2.500 nucleótidos, según el gen investigado). La selección debe dirigirse a genes con diferentes funciones biológicas, diferentes tasas de evolución y diferentes presiones selectivas. En particular, se debe tener cuidado al utilizar la región de la *polimerasa (pol)* para los pacientes bajo terapia, ya que los regímenes de tratamiento similares pueden llevar al virus a acumular mutaciones similares, causando una relación aparente en ausencia de un vínculo epidemiológico directo. Este problema puede abordarse excluyendo del análisis las posiciones de resistencia a los fármacos [18]. Sin embargo, la mejor estrategia sería el análisis del genoma completo, también conocido como secuenciación completa, aunque en la mayoría de las circunstancias esto no es económicamente viable.

Hay muchas formas diferentes de construir un árbol filogenético y la elección se basa en la fiabilidad de los métodos utilizados para construir el árbol -incluidos los genes del VIH concretos analizados-, así como en la finalidad del árbol. Deben realizarse análisis estadísticos rigurosos. La composición de la población de control debe indicarse claramente. La elección de controles epidemiológicos suficientes y adecuados es fundamental en el marco de las redes sexuales, a menudo complejas, que existen principalmente (pero no exclusivamente) entre los hombres homosexuales y otros hombres que tienen relaciones sexuales con hombres. En términos prácticos, esto significa analizar aproximadamente otras 30 cepas de VIH de individuos que proceden del mismo origen geográfico, contexto social y red de transmisión potencial que el acusado y el denunciante. Así pues, si una determinada red social es evidente (por ejemplo, un club, un parque de cruising o una sauna), los controles deben reflejar esto.

Las muestras de las partes investigadas y de los controles deben recogerse en torno al momento del presunto acontecimiento de transmisión o, al menos, en el plazo de unos años.

Cuando un árbol filogenético simple sugiere un parentesco genético entre los virus portados por dos individuos, el análisis de múltiples clones genéticos de cada persona puede reforzar la relación propuesta.

Las técnicas actuales no permiten una estimación fiable de la dirección de la transmisión. Sin embargo, se están llevando a cabo investigaciones sobre este tema, que indican que dicha estimación se vuelve más fiable si las muestras se obtienen muy poco después del presunto evento de transmisión; si se realiza un análisis clonal; y/o si se obtienen múltiples secuencias de la fuente y del receptor.

Interpretación

El análisis filogenético nunca puede proporcionar la única prueba de transmisión y no debe actuar como punto de partida en torno al cual se construya "una historia" eligiendo las pruebas convenientes que apoyarían la relación. El análisis debe utilizarse en el contexto de todas las pruebas disponibles. La pregunta importante que hay que hacerse al interpretar la información proporcionada por un árbol filogenético es: "¿Hasta qué punto se puede confiar en excluir otros factores de riesgo de infección y la participación de otras partes en la cadena de transmisión?".

Cuando el análisis filogenético indica que las dos cepas de VIH investigadas no están relacionadas, las pruebas deben considerarse lo suficientemente sólidas como para excluir la posibilidad de transmisión. Por lo tanto, la investigación puede exonerar a los individuos sospechosos.

Cuando el análisis filogenético indica que las dos cepas del VIH investigadas están relacionadas, la selección adecuada de los controles aumentará la confianza en que la

relación observada refleja una verdadera transmisión directa. Sin embargo, incluso con los mejores controles, puede ser imposible saber con certeza que la transmisión se produjo directamente de uno a otro sin que intervinieran uno o más individuos. Hay que reconocer que la relación que muestra el árbol filogenético no puede traducirse fácilmente en una afirmación definitiva sobre la posibilidad de transmisión que esté más allá de toda duda razonable. Incluso si el apoyo estadístico a un vínculo estrecho entre los individuos investigados es del 100%, esto no implica que la evidencia de una transmisión directa sea del 100%.

Por lo tanto, la interpretación adecuada incluiría las siguientes preguntas.

- ¿Se han incluido los controles adecuados?
- ¿Están los dos virus más relacionados entre sí que con los controles?
- ¿Hay alguien más infectado por el virus que esté, o pueda estar, también relacionado?
- ¿Existen otras pruebas epidemiológicas de vinculación entre individuos?

Los peritos deben estar preparados para reconocer las limitaciones de las inferencias que puedan hacerse y elegir el lenguaje correcto tanto en el testimonio escrito como en el verbal. Por ejemplo, el lenguaje correcto debería ser "Las secuencias virales de los dos sujetos muestran un alto nivel de similitud y están más relacionadas entre sí que con otras cepas que circulan en una población con el mismo perfil epidemiológico". Las declaraciones deben incluir la posibilidad de que una tercera persona desconocida pueda estar implicada, y que la dirección de la transmisión no puede ser probada.

Conclusión

Es importante que todos los implicados en el sistema de justicia penal sean plenamente conscientes de las limitaciones del análisis filogenético antes de utilizar sus resultados como prueba concluyente de la transmisión del VIH entre dos individuos. Las pruebas filogenéticas, en el contexto de otras pruebas clínicas y epidemiológicas, pueden respaldar la vinculación entre casos, pero no pueden ser, por sí mismas, una prueba de transmisión. Los testigos expertos deben reconocer las limitaciones de las inferencias que pueden hacerse y elegir el lenguaje correcto tanto en el testimonio escrito como en el verbal. La sobreinterpretación de los resultados de los análisis filogenéticos es inaceptable, independientemente de lo convencido que esté el perito de la culpabilidad o inocencia del acusado.

Agradecimientos

Los autores desean agradecer a las siguientes personas sus comentarios y opiniones durante la redacción de este

papel: Catherine Dodds, Sigma Research; Lisa Power, Terrence Higgins Trust; Quincy Whitaker, Doughty Street Chambers.

Referencias

- 1 Crown Prosecution Service. *Prosecuting Cases Involving the Sexual Transmission of Infections which Cause Grievous Bodily Harm*. http://www.cps.gov.uk/news/consultations/sti_policy.html 2006.
- 2 Carter M. *Procesamiento por transmisión imprudente del VIH en Inglaterra termina con un veredicto de no culpabilidad*. [R. v Collins.] 9 de agosto de 2006. <http://www.aidsmap.com/en/news/9770EEA6-020F-440A-9224-D7BAD7784A69.asp> 2006.
- 3 Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades. Posible transmisión del virus de la inmunodeficiencia humana a un paciente durante un procedimiento dental invasivo. *Morbilidad y mortalidad Weekly Report* 1999; **39**: 489-493 (disponible en <http://www.cdc.gov/MMWR/preview/mmwrhtml/00001679.htm>).
- 4 Ciesielski C, Marianos D, Ou CY *et al.* Transmisión del virus de la inmunodeficiencia humana en una consulta dental. *Ann Intern Med* 1992; **116**: 798-805.
- 5 Ou CY, Ciesielski CA, Myers G *et al.* Molecular epidemiology of HIV transmission in a dental practice. *Science* 1992; **256**: 1165-1171.
- 6 Altman LK. El misterio del SIDA que no desaparece: ¿infectó un dentista a 6 pacientes? *New York Times*. <http://query.nytimes.com/gst/fullpage.html?sec=health&res=9C02E0DB1E3CF936A35754C0A962958260> 1994.
- 7 Jaffe HW, McCurdy JM, Kalish ML *et al.* Falta de VIH transmisión en la consulta de un dentista con SIDA. *Ann Int Med* 1994; **121**: 855-859.
- 8 Myers G. Investigación molecular de la transmisión del VIH. *Ann Int Med* 1994; **121**: 889-890.
- 9 Albert J, Wahlberg J, Leitner T, Escanilla D, Uhle'n M. Análisis de un caso de violación mediante la secuenciación directa de la pol y gag del VIH-1 genes. *J Virol* 1994; **68**: 5918-5924.
- 10 Estado de Luisiana Tribunal del 15º Distrito Judicial, Parroquia de Lafayette. (*Criminal Docket 73313*) *Razones para el fallo del Estado de Louisiana 15º Tribunal de Distrito Judicial Juez Durwood Conque 1997; Estado de Louisiana vs. Richard J. Schmidt 699 So. 2d, 488, K97-249 LA Tribunal de Apelación, 3er Circuito 1997; orden denegada 706 So 1997; 2d (451): 97-2220 LA 1997.*
- 11 Metzker ML, Mindell DP, Liu XM, Ptak RG, Gibbs RA, Hillis DM. Evidencia molecular de la transmisión del VIH-1 en un caso criminal. *Proc Natl Acad Sci USA* 2002; **99**: 14292-14297.
- 12 Birch CJ, McCaw RF, Bulach DM *et al.* Análisis molecular de cepas del virus de la inmunodeficiencia humana asociadas a un caso de transmisión criminal del virus. *J Infect Dis* 2000; **182**: 941-944.
- 13 Machuca R, Jorgensen LB, Theilade P, Nielsen C. Investigación molecular de la transmisión del virus de la inmunodeficiencia humana tipo 1 en un caso criminal. *Clin Diagn Lab Immunol* 2001; **8**: 884-890.
- 14 Lemey P, Derdelinckx I, Rambaut A *et al.* Huella molecular de la presión selectiva de medicamentos en un cadena de transmisión del virus de la inmunodeficiencia. *J Virol* 2005; **79**: 11981-11989.
- 15 *Anderson v R* [1972] AC100 (HL). 1972.
- 16 Leitner T, Albert J. Reconstrucción de las cadenas de transmisión del VIH-1 con fines forenses. *AIDS Rev* 2000; **2**: 241-251.
- 17 Learn GH, Mullins JJ. The microbial forensic use of HIV sequences. In: Leitner T, Foley B, Hahn B *et al.* eds. *HIV Sequence Compendium 2003*. Los Alamos, New Mexico: Los Alamos National Laboratory, 2004: 22-37.
- 18 Lemey P, Van Dooren S, Van Laethem K *et al.* Pruebas moleculares de transmisiones múltiples del VIH-1 en un caso. En: Leitner T, Foley B, Hahn B *et al.* eds. *Compendio de secuencias del VIH 2003*. Los Alamos, Nuevo México: Los Laboratorio Nacional de Álamos, Los Álamos, Nuevo México, 2004.
- 19 Anderson J, Chalmers J, Nelson M *et al.* *HIV Transmission, the Law and the Work of the Clinical Team. A Briefing Paper*. Borrador para consulta, British HIV Association. <http://www.bhiva.org/> 2006.