

Matematiskt resonerande inom rättslig bevisning



Anders Nordgaard

Docent och forensisk specialist i statistik, Nationellt Forensiskt Centrum (NFC)
och Linköpings universitet, Institutionen för datavetenskap, avdelningen för Statistik och
maskininlärning

Vetenskapsdagen 2019



Det fantastiska DNA (deoxyribonucleic acid)



1984, Sir Alec Jeffreys,
genetic fingerprint

Från det att dna fått fotfäste inom kriminaltekniken har åtskilliga berättelser kommit om dna-bevisningens förmåga att binda gärningsmän vid brott och att utreda långväga släktsamband.

Dna som tekniskt bevis, eller som vi alltmer säger *forensikt bevis*, används (t.ex.) för att

- utreda om ett biologiskt spår (blod, sekret, sperma, vävnad,...) säkrat på en brottsplats kan härröras till en viss person (Detta görs av **NFC**)
- utreda vem som är far till ett barn i en faderskapsdispyt (Detta görs av Rättsmedicinalverket (RMV))
- utreda identiteter hos (kvarlevor av) dödsoffer vid katastrofer (görs av RMV)
- utreda släktskapsförhållanden [Är NN1 morbrors far till NN2?] (görs av RMV)



Kikar litet på “att utreda om ett biologiskt spår säkrat på en brottsplats kan härröras till en viss person ”

NFC undersöker idag 15 områden (s.k. *STR-markörer*) samt en könsbestämmande markör i det mänskliga genomet.

I varje område finns det två s.k. *alleler* (eller *varianter*), som kan vara lika (homozygot) eller olika (heterozygot).

De två allerna bildar en *markörgenotyp*. De 15 genotyperna bildar tillsammans en dna-profil:

Markör	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
<i>Allel 1</i>	15	7	27	14	16	17.3	18	11	15	15	12	21	11	17.3	15
<i>Allel 2</i>	15	9.3	29	16	16	18.3	25	12	16	19	13	22.2	11	19	16

Anta nu att vi har en situation där en person har blivit misshandlad (kanske till döds) och lämnats kvar på brottsplatsen.

- På den misshandlades byxor säkras en blodfläck, och blodfläcken dna-analyseras på laboratoriet
- Det innebär att dna *extraheras* från blodfläcken och *typas* för att få reda på den genetiska informationen i de 15 markörerna (inga mer ingående detaljer ges här)

Anta att den genetiska informationen (dna-profilen) blir

Markör	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
Allel 1	15	7	27	14	16	17.3	18	11	15	15	12	21	11	17.3	15
Allel 2	15	9.3	29	16	16	18.3	25	12	16	19	13	22.2	11	19	16

Kort efteråt grips en person, skäligen misstänkt för att ha varit inblandad i misshandeln. Den misstänkte topsas (bomullsvabb i munhålan) och från topsen extraheras och typas dna med resultat:

Markör	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
Allel 1	15	7	27	14	16	17.3	18	11	15	15	12	21	11	17.3	15
Allel 2	15	9.3	29	16	16	18.3	25	12	16	19	13	22.2	11	19	16

Profilerna är identiska. Betyder detta att det var den misstänktes blod som säkrades från byxorna?

Markör	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
Allel 1	15	7	27	14	16	17.3	18	11	15	15	12	21	11	17.3	15
Allel 2	15	9.3	29	16	16	18.3	25	12	16	19	13	22.2	11	19	16

Populationsgenetiska modeller

I en population av individer finns det i *var och en av de 15 marköerna* en fördelning över de genotyper (par av alleler), som kan förekomma. \Rightarrow En genotyp har en markörspecifik relativ frekvens.

Denna relativa frekvens bygger i sin tur på hur vanliga de alleler som ingår i genotypen är.

I t.ex. markör 3 i dna-profilen ovan är genotypen (27,29), dvs. de ingående allelerna är 27 och 29

Värdena 27 och 29 har med längder hos allelerna att göra men i den enklare tillämpningarna ses de bara som koder

Via populationsstudier kan allelernas vanlighet undersökas. NFC använder resultat från en populationsstudie (en databas) omfattande drygt 400 personer.

Utifrån den bedöms allel 27 förekomma hos 3,4 % i den (intressanta) populationen, medan allel 29 förekommer hos 18,4 % i samma population.

Markör	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
Allel 1	15	7	27	14	16	17.3	18	11	15	15	12	21	11	17.3	15
Allel 2	15	9.3	29	16	16	18.3	25	12	16	19	13	22.2	11	19	16

Men det vi är intresserade av är de relativa frekvenserna för genotyperna, dvs. i markör 3 vill vi veta hur vanlig kombinationen (27, 29) är.

Om fortplantningen är helt slumpmässig i en population (kan inte helt gälla människor, men kanske råttor) så råder s.k. *Hardy-Weinberg-jämvikt*. Den innebär:

- Om de två allelerna är olika (heterozygot) och f_1 är den relativa frekvensen för den ena allelen och f_2 är den relativa frekvensen för den andra så är genotypens relativa frekvens $f_1 \cdot f_2$
- Om de två allelerna är lika (homozygot) och f är den relativa frekvensen för den aktuella allelen så är genotypens relativa frekvens f^2

Markör	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
Allel 1	15	7	27	14	16	17.3	18	11	15	15	12	21	11	17.3	15
Allel 2	15	9.3	29	16	16	18.3	25	12	16	19	13	22.2	11	19	16

Om fortplantningen inte är slumpmässig i populationen måste justeringar göras för att den genetiska informationen ärvs i s.k. substrukturer i populationen

- Heterozygot, genotyp (A,B):
$$p_{A,B} = \frac{2 \cdot (F_{ST} + (1 - F_{ST}) \cdot p_A) \cdot (F_{ST} + (1 - F_{ST}) \cdot p_B)}{(1 + F_{ST}) \cdot (1 + 2 \cdot F_{ST})}$$
- Heterozygot, genotyp (A,A):
$$p_{A,A} = \frac{(2 \cdot F_{ST} + (1 - F_{ST}) \cdot p_A) \cdot (3 \cdot F_{ST} + (1 - F_{ST}) \cdot p_A)}{(1 + F_{ST}) \cdot (1 + 2 \cdot F_{ST})}$$

där F_{ST} är en faktor som korrigerar för förekomst av substrukturer. I Sverige sätts F_{ST} till 0,01. I andra länder med mer fortplantning inom släkter måste den sättas betydligt högre. Sätts den till 0 blir formlerna som vid Hardy-Weinberg-jämvikt.

Vi använder nu NFC:s populationsdatabas och formler med justering för substrukturer och beräknar genotypfrekvenserna i profilen:

Markör	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
Allel 1	15	7	27	14	16	17.3	18	11	15	15	12	21	11	17.3	15
Allel 2	15	9.3	29	16	16	18.3	25	12	16	19	13	22.2	11	19	16
Genotyp- frekvens	8,5 %	14,0 %	1,6 %	5,1 %	2,0 %	2,8 %	2,6 %	19,2 %	25,4 %	1,7 %	9,9 %	1,1 %	15,2 %	0,8 %	2,6 %

...och nu den avgörande komponenten från populationsgenetiken: *länkningsjämvikt*

De markörer som valts ut ligger långt ifrån varandra i genomet (de flesta på olika kromosomer). Det har då empiriskt visats att genotypen i en markör är approximativt inte relevant för genotypen i en annan markör.

Jämför en situation där du kastar en tärning 15 gånger. Resultatet i de olika kasten kan inte påverka varandra – *Statistiskt oberoende*

Markör	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
Allel 1	15	7	27	14	16	17.3	18	11	15	15	12	21	11	17.3	15
Allel 2	15	9.3	29	16	16	18.3	25	12	16	19	13	22.2	11	19	16
Genotyp-frekvens	8,5%	14,0%	1,6%	5,1%	2,0%	2,8%	2,6%	19,2%	25,4%	1,7%	9,9%	1,1%	15,2%	0,8%	2,6%

Med de relativa frekvenserna ovan kan vi därför beräkna *profilens* relativa frekvens som

$$p_{\text{profil}} = p_{\text{Markör 1}} \cdot p_{\text{Markör 2}} \cdot \dots \cdot p_{\text{Markör 15}} =$$

$$= 0,085 \cdot 0,14 \cdot 0,016 \cdot 0,051 \cdot 0,020 \cdot 0,028 \cdot 0,026 \cdot 0,192 \cdot 0,254 \cdot 0,017 \cdot 0,099 \cdot 0,011 \cdot 0,152 \cdot 0,008 \cdot 0,026$$

$$\approx 4,02 \cdot 10^{-21} \quad (1 \text{ på } 2,49 \cdot 10^{20})$$

Hur ska nu detta värde tolkas? Det utgör en uppskattad sannolikhet för att en slumpmässigt vald person i den intressanta populationen ska ha denna dna-profil.

Kan då profilen finnas hos *någon* i populationen?

Vi har räknat fram den relativa frekvensen för profilen. Det finns ingen möjlighet att hitta den bland en grupp människor, jordens befolkning är drygt 7 miljarder ($7 \cdot 10^9$)

För att överhuvudtaget kunna få en relativ frekvens om 1 på $2,49 \cdot 10^{20}$ krävs bra många generationer av världsbefolkningen framåt i tiden som skulle bilda den grupp där en sådan frekvens beräknas.

Men det finns en person med denna profil...

Kan vi då med gott samvete utesluta att blodfläcken kommer från någon annan?

Kan vi "lägga till" den information/det polisarbete som gav upphov till att personen greps?

Markör	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
Allel 1	15	7	27	14	16	17.3	18	11	15	15	12	21	11	17.3	15
Allel 2	15	9.3	29	16	16	18.3	25	12	16	19	13	22.2	11	19	16

Anta att det istället vore så här:

Det finns ännu ingen misstänkt, men den extraherade dna-profilen från blodet söks mot de register, som Polismyndigheten ansvarar för (spårregistret, utredningsregistret, dna-registret).

I spårregistret lagras dna-profiler från spår, som ännu inte har kunnat knytas till en person.

I dna-registret lagras dna-profiler från personer, som varit skäligen misstänkta för brott som kan ge fängelse. Profilen gallras när personen gallras från Polismyndighetens brottsregister.

Sökningen mot dna-registret ger exakt en träff mot **en** person

Markör	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
Allel 1	15	7	27	14	16	17.3	18	11	15	15	12	21	11	17.3	15
Allel 2	15	9.3	29	16	16	18.3	25	12	16	19	13	22.2	11	19	16

Markör	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
Allel 1	15	7	27	14	16	17.3	18	11	15	15	12	21	11	17.3	15
Allel 2	15	9.3	29	16	16	18.3	25	12	16	19	13	22.2	11	19	16
Markör	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
Allel 1	15	7	27	14	16	17.3	18	11	15	15	12	21	11	17.3	15
Allel 2	15	9.3	29	16	16	18.3	25	12	16	19	13	22.2	11	19	16

Vi kan räkna på samma sätt här som tidigare, dvs. få en uppskattning av sannolikheten för att en slumpmässigt vald person (i intressant population) har denna dna-profil.

$$p_{\text{profil}} \approx 4,02 \cdot 10^{-21}$$

Är det någon skillnad mellan denna situation och den tidigare?

Säg att det visar sig att den person i registret som träffen fick mot satt på Kumla-anstalten när brottet begicks.

Ska man då anta att

- fel har gjorts i dna-analysen?
- det är felaktig information i dna-registret?
- det råkar (om än osannolikt) finnas en till person med samma profil?

Enbart sett till dna-analysen ser det ut som att det finns i princip ovedersäglig bevisning mot den person mot vilken träffen fåtts.

Men den tekniska (forensiska) bevisningen utgörs inte enbart av resultatet från dna-analysen.

Vetenskapsteoretiskt ser det ut så här:

Endera finns det i förundersökningen (polis, åklagare) en grundad misstanke om att blodfläcken avsatts av en viss person...

...eller också "skapas" en misstanke mot den person som en sökning ger träff mot.

Detta kan formuleras som en hypotes och kallas *huvudhypotes* (beteckning H_h):

H_h : Dna:t i blodfläcken kommer från den aktuella personen

För att vetenskapligt kunna utreda frågan krävs en *alternativhypotes* (beteckning H_a):

H_a : Dna:t i blodfläcken kommer från någon annan person
(och som inte är nära släkt med den aktuella personen)

H_h : Dna:t i blodfläcken kommer från den aktuella personen

H_a : Dna:t i blodfläcken kommer från någon annan person

I dna-analysen uppskattas en sannolikhet för att en slumpmässigt vald person (stringent: och ej nära släkt med den aktuella) skulle ha den dna-profil som typats fram.

Denna sannolikhet kan också skrivas som ”sannolikheten för dna-resultatet utgående från att *alternativhypotesen* H_a är sann

Hur är det då med ”sannolikheten för dna-resultatet utgående från att *huvudhypotesen* H_h är sann

Intuitivt är uppfattningen att denna sannolikhet borde vara 1 (100 %). Är huvudhypotesen sann ska ju profilerna vara identiska.

Men det kan ju finnas små felkällor i laboratoriehanteringen \Rightarrow Sannolikheten är ”nära” 1.

Dessa två sannolikheter kan nu ges beteckningar (som är enklare att hantera matematiskt):

$$P(\text{Resultatet} | H_h) \approx 1$$

sannolikheten för dna-resultatet utgående från att *huvudhypotesen* är sann

$$P(\text{Resultatet} | H_a) \approx 4,02 \cdot 10^{-21}$$

sannolikheten för dna-resultatet utgående från att *alternativhypotesen* är sann

$$P(\text{Resultatet} | H_h) \approx 1$$

H_h : Dna:t i blodfläcken kommer från den aktuella personen

$$P(\text{Resultatet} | H_a) \approx 4,02 \cdot 10^{21}$$

H_a : Dna:t i blodfläcken kommer från någon annan person

Hur får vi in övriga s.k. bevisfakta kring frågeställningen (spaningsinformation, vittnesuppgifter, övervakningskameror...)?

Uppfattningar i förundersökningen **innan** dna-resultaten erhållits/tagits hänsyn till:

sannolikheten för att *huvudhypotesen* stämmer: $P(H_h)$

sannolikheten för att *alternativhypotesen* stämmer: $P(H_a)$

Uppfattningar i förundersökningen **efter det att** dna-resultaten tagits hänsyn till:

sannolikheten för att *huvudhypotesen* stämmer **givet** dna-resultatet: $P(H_h | \text{Resultatet})$

sannolikheten för att *alternativhypotesen* stämmer **givet** dna-resultatet: $P(H_a | \text{Resultatet})$

$$P(\text{Resultatet} | H_h) \approx 1$$

$$P(\text{Resultatet} | H_a) \approx 4,02 \cdot 10^{21}$$

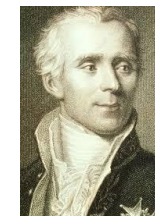
H_h : Dna:t i blodfläcken kommer från den aktuella personen

H_a : Dna:t i blodfläcken kommer från någon annan person

Rev. Thomas Bayes (1702-1761)



Pierre Simon de Laplace (1749-1827)



Bayes' sats:

$$\frac{P(H_h | \text{Resultatet})}{P(H_a | \text{Resultatet})} = \frac{P(\text{Resultatet} | H_h)}{P(\text{Resultatet} | H_a)} \times \frac{P(H_h)}{P(H_a)}$$

↑
efteroddsen

↑
Beviskraften
hos Resultatet

↑
föroddsens

$$\frac{P(H_h | \text{Resultatet})}{P(H_a | \text{Resultatet})} = \frac{P(\text{Resultatet} | H_h)}{P(\text{Resultatet} | H_a)} \times \frac{P(H_h)}{P(H_a)}$$

H_h : Dna:t i blodfläcken kommer från den aktuella personen

H_a : Dna:t i blodfläcken kommer från någon annan person

$\frac{P(\text{Resultatet} | H_h)}{P(\text{Resultatet} | H_a)}$ kallas vid NFC *resultatvärdet*, på engelska används termen *likelihood ratio*, och en tysk-svensk term som börjat användas är *beviskraft*.

I detta exempel blir den ungefär $1 / 4,02 \cdot 10^{-21} \approx 2,49 \cdot 10^{20}$

Jämför nu

- Den aktuella personen är gripen skäligen misstänkt för att ha varit inblandad i misshandeln
- Den aktuella personen är den man fått träff mot vid sökning av dna-profilen, men är inte sedan tidigare med i utredningen

I vilket av fallen är $\frac{P(H_h)}{P(H_a)}$ (föroddsens) störst? Vad får detta för konsekvenser för den slutliga uppfattningen i utredningen?

Introduktionen av dna-bevisning möjliggjorde uppskattning av sannolikheter från (måttligt stora) databaser

Teorin är dock flera 100 år äldre än så och applicerbar på så gott som all typ av forensisk bevisning.

Det krävs dock ett förhållningssätt till sannolikhetsbegreppet, som inte är vad man ”lär sig i skolan”.

Om sannolikheter...

Är det inte sådant som har med tärningsspel, lottorader etc. att göra?



Den snäva s.k. frekventistiska tolkningen av en sannolikhet är inte användbar för forensisk bedömning – kräver att den situation/ det händelseförlopp i vilken man bedömer sannolikheter kan upprepas i princip hur många gånger som helst!!

Den vidare s.k. subjektiva tolkningen utgår från att en persons bedömda sannolikhet ska återspegla hur osäker/säker personen är på något. Ordet subjektiv ska inte tolkas som godtycklig eller åsiktsvinklad utan som en persons professionellt underbyggda uppfattning.

Sannolikheten för *något* är

utifrån graden av tilltro till detta *något* hos den som har att förhålla sig till detta *något*

den *bakgrundsinformation* som denne har och de *antaganden*, som denne ska göra

Sannolikheten anges som ett tal mellan 0 och 1 (mellan 0 % och 100 %), där 1 betyder att personen är säker på att detta *något* gäller, och 0 betyder att personen är säker på att detta *något* inte gäller

Exempel Glasjämförelser

Frågeställningen i utredningen gäller om glasfragment som säkrats i en misstänkts bil kan härröra från en glasruta som krossades i samband med ett inbrott.



Resultaten av en undersökning av glasfragment och glas från ruta är (summeriskt)

- Överensstämmelse i brytningsindex mellan glasfragmenten och glaset i rutan
- Överensstämmelse i grundämnessammansättning mellan glasfragmenten och glaset i rutan
- Bägge resultaten är förenliga med ett påstående (*huvudhypotes*) att glasfragmenten härrör från den krossade rutan
- Men utifrån enbart resultaten (s.k. *bevisfakta*) kan man (*forensisk expertis*) egentligen bara vara övertygad om att det inte kan uteslutas att fragmenten härrör från rutan
- En forensisk expert måste hjälpa utredningen (och även rätten och försvaret) med att bedöma hur förenliga resultaten är med det motsatta påståendet, dvs. att glasfragmenten *inte* härrör från den krossade rutan (**alternativhypotes**)

För enkelhets skull ger vi de två resultaten den sammanfattande beteckningen E (från engelskans *evidence*)



E :

- Överensstämmelse i brytningsindex mellan glasfragmenten och glaset i rutan
- Överensstämmelse i grundämnessammansättning mellan glasfragmenten och glaset i rutan

- Säg att man gör bedömningen att högst 0,01 % av allt glas har det brytningsindex och den grundämnessammansättning som glasfragmenten har
- Resultaten är då inte särskilt förenliga med att glasfragmenten *inte* skulle härröra från den krossade rutan
- Men det motsäger inte att det senare kan komma fram vittnesuppgifter eller övervakningsbilder som medför övertygande bevisning om att glasfragmenten i bilen inte kan ha haft något med den krossade rutan att göra
- Den relativa frekvensen 0,01 % står dock fast, och påverkas inte av den nya bevisningen. Glaset kan ju inte bli mer vanligt bara för att fragmenten i så fall inte visade sig komma från den krossade rutan

Vi har Bayes' sats:

$$\frac{P(H_h | E)}{P(H_a | E)} = \frac{P(E | H_h)}{P(E | H_a)} \times \frac{P(H_h)}{P(H_a)}$$

H_h : Glasfragmenten härrör från den krossade rutan

H_a : Glasfragmenten härrör inte från den krossade rutan
(utan från något annat glasföremål)

E : Överensstämmelse i brytningsindex mellan
glasfragmenten och glaset i rutan
Överensstämmelse i grundämnessammansättning
mellan glasfragmenten och glaset i rutan



Säg att man i utredningen bedömde sannolikheten för huvudhypotesen till 75 % *innan* de forensiska resultaten erhållits, dvs. $P(H_h) = 0,75$. Detta ger att motsvarande sannolikhet för alternativhypotesen måste ha varit 25 %, dvs. $P(H_a) = 0,25$.

Föroddsens blir då $P(H_h) / P(H_a) = 0,75 / 0,25 = 3$, vilket kan utläsas ”3 mot 1”

De forensiska resultaten bedömdes förekomma hos högst 0,01 % av allt glas. Annorlunda uttryckt innebär detta att den forensiska bedömningen av sannolikheten $P(E | H_a)$ är 0,0001. ”Sannolikheten att få dessa resultat om glasfragmenten kommer från något annat glasföremål än den krossade rutan”

Den forensiska bedömningen av sannolikheten $P(E | H_h)$ är näst intill 1 (100 %). Resultaten är samstämmiga med huvudhypotesen och man förväntar sig inte att få några avvikelser i egenskaper mellan fragment och ruta om man utgår från att fragmenten verkligen härrör från rutan.

$$\frac{P(H_h|E)}{P(H_a|E)} = \frac{P(E|H_h)}{P(E|H_a)} \times \frac{P(H_h)}{P(H_a)}$$

H_h : Glasfragmenten härrör från den krossade rutan

H_a : Glasfragmenten härrör inte från den krossade rutan
(utan från något annat glasföremål)



E : Överensstämmelse i brytningsindex mellan
glasfragmenten och glaset i rutan
Överensstämmelse i grundämnessammansättning
mellan glasfragmenten och glaset i rutan

Resultatvärdet är alltså $\frac{P(E|H_h)}{P(E|H_a)} \approx \frac{1}{0,0001} = 10\ 000$

Detta skulle rapporteras som
Grad +3 i NFC:s niogradiga
utlåtandeskala.

Uträkningen med Bayes' sats blir sedan

$$\frac{P(H_h)}{P(H_a)} \times \frac{P(E|H_h)}{P(E|H_a)} = \frac{0,75}{0,25} \times \frac{1}{0,0001} = 30\ 000 = \frac{P(H_h|E)}{P(H_a|E)}$$

och 30 000 är alltså efteroddsen som utläses ”30 000 mot 1”

Motsvarande omräkningen från sannolikheten 0,75 till oddsen 3 mot 1 kan nu oddsen 30 000 mot 1 omräknas till sannolikheten $30000/(30000+1) \approx 0,999967$

I detta läge borde man alltså i utredningen vara övertygad om att glasfragmenten kommer från den krossade rutan

Men om det nu tillkommer vittnesuppgifter och övervakningsbilder som innebär ”övertygande bevisning” om att glasfragmenten i bilen inte kan ha haft något med den krossade rutan att göra?

$$\frac{P(H_h|E)}{P(H_a|E)} = \frac{P(E|H_h)}{P(E|H_a)} \times \frac{P(H_h)}{P(H_a)}$$

H_h : Glasfragmenten härrör från den krossade rutan

H_a : Glasfragmenten härrör inte från den krossade rutan
(utan från något annat glasföremål)

E : Överensstämmelse i brytningsindex mellan
glasfragmenten och glaset i rutan
Överensstämmelse i grundämnessammansättning
mellan glasfragmenten och glaset i rutan



Bortsett från de forensiska resultaten är man nu i utredningen ”övertygad” om att huvudhypotesen inte stämmer.

Detta kan hanteras genom att (i utredningen) ändra föroddsen i Bayes’s sats. Om de ändras till 0 så kan ett resultatvärde aldrig så stort ändå inte leda till några andra efterodds än 0 (noll multiplicerat med vad som helst blir noll).

Det skulle t.ex. kunna vara så att endast ett fåtal glasföremål i landet har dessa egenskaper. Det innebär ett och samma höga resultatvärde vid varje jämförelse mellan fragmenten och ett sådant föremål, men föremålen har initialt mycket olika sannolikheter att vara ursprung till fragmenten.

Hade dessa vittnesuppgifter och bilder funnits tidigare, så hade förstås ingen forensisk undersökning av glaset begärts (bilen hade avskrivits som intressant).

$$\frac{P(H_h|E)}{P(H_a|E)} = \frac{P(E|H_h)}{P(E|H_a)} \times \frac{P(H_h)}{P(H_a)}$$

H_h : Glasfragmenten härrör från den krossade rutan

H_a : Glasfragmenten härrör inte från den krossade rutan
(utan från något annat glasföremål)

E : Överensstämmelse i brytningsindex mellan
glasfragmenten och glaset i rutan
Överensstämmelse i grundämnessammansättning
mellan glasfragmenten och glaset i rutan



Om föroddsens nu inte ändras till 0 utan tillåter en viss osäkerhet, säg oddsens 1 mot 10000 så kommer Bayes' sats att ge

$$\frac{1}{10000} \times \frac{1}{0,0001} = 1$$

dvs. efteroddsen blir 1 mot 1 vilket är detsamma som att sannolikheten blir $0,5 = 50\%$.
Man kan säga att de två komponenterna i bevisningen "tar ut varandra" i detta läge

Notera att den tolkning och värdering som görs av de forensiska undersökningsresultaten inte kan ta annan bevisning i beaktande. Beviskraften i det aktuella exemplet är 10 000 ($1/0,0001$) oavsett storleken hos föroddsens. Storleken hos föroddsens kan dock påverka det totala värdet av bevisningen till att bli låg trots mycket hög beviskraft hos de forensiska resultaten.

...och slutligen är teorin inte begränsad till forensisk bevisning

I rätten används standardmässigt följande hypoteser

”Den tilltalade är skyldig till...” (Bevistema)

”Den tilltalade är inte skyldig till...” (Bevistemats motsats)

Vid rättens bevisvärdering prövas *bevisfakta* mot bevistemat (och dess motsats)

Bevisfakta: Vittnesuppgifter, forensiska resultat, spaningsinformation,...

Med ett *Bayesianskt* synsätt värderas bevisfakta med hjälp av Bayes' sats:

$$\frac{P(\text{Bevistemat}|\text{Bevisfakta})}{P(\text{Bevistemats motsats}|\text{Bevisfakta})} = \frac{P(\text{Bevisfakta}|\text{Bevistemat})}{P(\text{Bevisfakta}|\text{Bevistemats motsats})} \times \underbrace{\frac{P(\text{Bevistemat})}{P(\text{Bevistemats motsats})}}_{\text{Hur borde denna ”väljas”?}}$$