

GHEP-ISFG – Desafio teórico avançado forense 2025

Exercício 1

Circunstâncias do caso

Um homem foi assaltado e espancado com uma garrafa de vidro. A garrafa ensanguentada é incluída como evidência. O gargalo da garrafa é amostrado para DNA. O objetivo desta investigação é determinar de quem pode ter vindo o DNA da amostra. Foram identificados dois suspeitos.

Dados disponíveis

- Perfil da evidência: 1.Trace#01.csv (inclui alturas de pico), 1.Trace#01.txt (sem alturas de pico), 1.Trace#01.pdf (pdf do eletroferograma)
- Perfil de referência da vítima: 1.Victim#01 (.csv e .txt)
- Perfil de referência do suspeito 1: 1.Suspect1#01 (.csv e .txt)
- Perfil de referência do suspeito 2: 1.Suspect2#01 (.csv e .txt)

Informação geral

Por favor, consulte o documento '01_2025_GHEP-ISFG_ATC_Instructions_PT para obter detalhes sobre a geração do perfil de DNA e os cálculos para determinar o peso da evidência.

Interpretação da mistura

Por favor, interprete o(s) perfil(s) de DNA e responda às perguntas abaixo indicadas. Estamos cientes de que os perfis de DNA podem diferir dos que encontra habitualmente na sua casuística e teremos em conta as respostas que forneceu no documento '02_2025_GHEP-ISFG_ATC_General questions on casework practice_PT'. Se acha que há informações adicionais que devemos ter em conta, forneça-as no final deste exercício.

Interpretação do perfil da evidência

1. Como reportaria o número de contribuintes (NoC) para este perfil?

Por outras palavras, como reportaria o número de contribuintes para o perfil de DNA da evidência se encontrasse este perfil num caso real? Seria capaz de avaliar o número de contribuintes dado este perfil de DNA? Em caso afirmativo, reportaria uma *estimativa exata/única* do número de contribuintes (por exemplo, 3 contribuintes), reportaria um *intervalo* de possíveis contribuintes (por exemplo, 3-4 contribuintes ou mínimo de 3 contribuintes/máximo de 4 contribuintes), ou reportaria um *número mínimo* de contribuintes (por exemplo, pelo menos 3 contribuintes)?

- a. Reportaria um número exato de contribuintes.
- b. Reportaria o intervalo dos números de contribuintes possíveis
- c. Reportaria um número mínimo de contribuintes
- d. A mistura é muito complexa para determinar o número de contribuintes (salte para Q3)
- e. Outro (por favor, especifique: _____)

2. Forneça a sua estimativa de NoC com base na sua seleção na pergunta 1.

- a. Indique o valor:

3. É capaz de identificar algum contribuinte maioritário?

Por outras palavras, consideraria um (ou mais) contribuintes como contribuintes maioritários de acordo com os critérios indicados nos seus procedimentos (por exemplo, com base nas razões de

altura de pico ou percentagens de RFU)? Se os seus procedimentos não permitirem diferenciar entre contribuintes maioritários e minoritários, indique como tal.

- a. Não há contribuintes que eu consideraria maioritários
- b. Há um contribuinte maioritário
- c. Existem dois ou mais contribuintes maioritários
- d. Não diferenciamos entre contribuintes maioritários e minoritários
- e. Outro (Por favor, especifique:_____)

Comparações e conclusões

4. Considera este perfil adequado para realizar comparações manuais e/ou estatísticas?

- a. Sim (para toda a mistura e todos os contribuintes)
- b. Sim, mas apenas para um subconjunto de contribuintes (por exemplo, maioritário(s))
- c. Sim, mas apenas para um subconjunto de loci (e todos os contribuintes)
- d. Sim, mas apenas para um subconjunto de loci e apenas para um subconjunto de contribuintes
- e. Não

5. Para que tipo de comparações considera este perfil adequado?

- a. Análise manual ([salte para Q7](#))
- b. Análise estatística ([salte para Q7](#))
- c. Análise manual e estatística ([salte para Q7](#))
- d. Nenhuma (vá para [Q6](#) e depois para [Q19](#))

6. Se o perfil da evidência NÃO for adequado para comparação e/ou análise estatística. Por que é que este perfil é inadequado para comparação e análise estatística? (marque todas as opções aplicáveis; marque pelo menos uma)

- a. Alelos ou loci insuficientes para análise
 - b. Níveis gerais de DNA *template* muito baixos
 - c. Amostra demasiado degradada
 - d. Amostra demasiado inibida
 - e. Demasiados contribuintes
 - f. Demasiada incerteza no número de contribuintes
 - g. Proporções de mistura/proporções de contribuintes
 - h. Para além dos nossos procedimentos internos de interpretação (Por favor, especifique:_____)
 - i. Outro (Por favor, especifique:_____)
- ([Salte para Q19](#))

7. Com base na análise manual, qual é a sua conclusão em relação suspeito 1 (POI) como possível contribuinte para a amostra problema?

- a. *Incluído*— a POI é um possível contribuinte (também conhecido como: consistente com, apoia a inclusão, não se pode excluir/eliminar)
- b. *Inconclusivo* – a POI não se pode incluir ou excluir como possível contribuinte (também conhecido como não informativo)
- c. *Excluído* — a POI **NÃO** é um possível contribuinte (também conhecido como eliminado, apoia a exclusão)
- d. Não usamos conclusões categóricas

8. Com base na análise manual, qual é a sua conclusão em relação suspeito 2 (POI) como possível contribuinte para a amostra problema?

- a. *Incluído*— a POI é um possível contribuinte (também conhecido como: consistente com, apoia a inclusão, não se pode excluir/eliminar)

- b. *Inconclusivo* – a POI não se pode incluir ou excluir como possível contribuinte (também conhecido como não informativo)
- c. *Excluído* — a POI NÃO é um possível contribuinte (também conhecido como eliminado, apoia a exclusão)
- d. Não usamos conclusões categóricas

9. Realizou uma ou mais análises estatísticas neste perfil?

- a. Sim
- b. Não (salte para Q19)

10. Que *software* usou para realizar este cálculo?

Especifique os parâmetros utilizados se estes não tiverem sido mencionados ou diferirem dos parâmetros apresentados no documento '01_2025_GHEP-ISFG_ATC_Instructions_PT'.

- a. Fiz os cálculos manualmente, ou usei um *software* ou *workbook* desenvolvido internamente
- b. Armed Xpert
- c. CEESIt
- d. DNA View Mixture Solution
- e. DNAMix
- f. DNAXs/DNAStatistX
- g. EuroForMix
- h. EFMrep
- i. Final Forensic Genetics (GFF)
- j. LabRetriever
- k. likeLTD
- l. LiRaHT
- m. LRmix/LRmix Studio
- n. MixCal
- o. PopStats
- p. Soft Genetics MaSTR
- q. STRmix
- r. TrueAllele
- s. Outro (Por favor, especifique...)

11. Quantas análises estatísticas (por exemplo, número de cálculos de LR) realizou neste perfil da evidência para chegar à sua conclusão?

- a. Indique o valor:

12. Especifique as suas hipóteses (podem ser múltiplas), incluindo NoCs, condicionadas aos contribuintes, etc.

Por exemplo, Hipótese 1: Suspeito + x desconhecidos vs Hipótese 2: x desconhecidos
LR=...

13. Reportaria o peso da evidência para o suspeito 1?

- a. Sim (salte para Q15)
- b. Não (vá para Q14 e depois para Q16)

14. Por que decidiu não reportar o peso da evidência para o suspeito 1?

- a. ...
(Salte para Q16)

15. Especifique o peso da evidência reportado para o suspeito 1

Por favor mencione se usou, por ex. LR ou Log_{10} LR.

a. ...

16. Reportaria o peso da evidência para o suspeito 2?

a. Sim (salte para Q18)

b. Não (vá para Q17 e depois para Q19)

17. Por que decidiu não reportar o peso da evidência para o suspeito 2?

a. ...

(Salte para Q19)

18. Especifique o peso da evidência reportado para o suspeito 2

Por favor mencione se usou, por ex. LR ou Log_{10} LR.

a. ...

19. O que reportaria como conclusão?

Por outras palavras, qual é a sua conclusão? Por exemplo:

“A evidência é xxx vezes mais provável se a hipótese *a* (especifique) for verdadeira, em comparação com a alternativa descrita em *b* (especifique).”

E/ou

“Esta análise fornece xxx de suporte para a hipótese de o Suspeito X ter contribuído para o DNA obtido no item I.”

a. ...

Comentários adicionais

20. Tem algum comentário/observação que gostaria de partilhar com base neste exercício?

a. ...

21. Tem algum comentário/dúvida/sugestão/dica sobre este caso/desenho da investigação em geral? (pode pensar em: perfil, cenário, etc.) Ou há mais alguma coisa que gostaria de partilhar ou que acredita ser importante sabermos?

a. ...