

GHEP-ISFG – Desafío Teórico Forense Avanzado 2025

Cuestionario: Preguntas generales sobre sus métodos actuales en los casos

Por favor, rellene este cuestionario. Tras completarlo puede empezar con los ejercicios.

1. Núm. Laboratorio:

Genotipado ADN

2. Por favor, indique todos los kits de amplificación de STR autosómicos que están validados y que usa en su laboratorio para analizar mezclas de ADN (seleccione todo lo que aplique).

- ☐ Applied Biosystems AmpFLSTR Identifier
- ☐ Applied Biosystems AmpFLSTR Identifier Plus
- ☐ Applied Biosystems AmpFLSTR Profiler
- ☐ Applied Biosystems AmpFLSTR Profiler Plus
- ☐ Applied Biosystems GlobalFiler
- ☐ Promega Powerplex 16
- ☐ Promega Powerplex 16 HS
- ☐ Promega Powerplex Fusion 5C
- ☐ Promega Powerplex Fusion 6C
- ☐ Qiagen Investigator 24plex
- ☐ Otro (especifique)

3. Por favor, indique qué kit de amplificación de STRs autosómicos usa por defecto en su laboratorio. Especifique los ciclos de amplificación validados en su procedimiento.

- ☐ Applied Biosystems AmpFLSTR Identifier (especifique el nº de ciclos de amplificación)
- ☐ Applied Biosystems AmpFLSTR Identifier Plus (especifique el nº de ciclos de amplificación)
- ☐ Applied Biosystems AmpFLSTR Profiler (especifique el nº de ciclos de amplificación)
- ☐ Applied Biosystems AmpFLSTR Profiler Plus (especifique el nº de ciclos de amplificación)
- ☐ Applied Biosystems GlobalFiler (especifique el nº de ciclos de amplificación)
- ☐ Promega Powerplex 16 (especifique el nº de ciclos de amplificación)
- ☐ Promega Powerplex 16 HS (especifique el nº de ciclos de amplificación)
- ☐ Promega Powerplex Fusion 5C (especifique el nº de ciclos de amplificación)
- ☐ Promega Powerplex Fusion 6C (especifique el nº de ciclos de amplificación)
- ☐ Qiagen Investigator 24plex (especifique el nº de ciclos de amplificación)
- ☐ Otro (especifique el kit y el nº de ciclos de amplificación)

4. Por favor, indique el equipo de EC que usa por defecto para los casos de mezclas en su laboratorio.

Por favor, especifique el voltaje y el tiempo de inyección para el kit de STR utilizado por defecto según se especifica en sus procedimientos.

- ☐ Applied Biosystems 3100 (especificar voltaje(s) y tiempo(s) de inyección)
- ☐ Applied Biosystems 3130 (especificar voltaje(s) y tiempo(s) de inyección)
- ☐ Applied Biosystems 3130xl (especificar voltaje(s) y tiempo(s) de inyección)

- ☐ Applied Biosystems 3500 (especificar voltaje(s) y tiempo(s) de inyección)
- ☐ Applied Biosystems 3500xl (especificar voltaje(s) y tiempo(s) de inyección)
- ☐ Applied Biosystems 3700 (especificar voltaje(s) y tiempo(s) de inyección)
- ☐ Applied Biosystems 3730 (especificar voltaje(s) y tiempo(s) de inyección)
- ☐ Promega Spectrum (especificar voltaje(s) y tiempo(s) de inyección)
- ☐ Otro (especifique nombre, voltaje y tiempo de inyección...)

Software de cálculo del LR

5. Por favor, indique todo el software de cálculo de LR que tiene validado y que usa en su laboratorio para los casos de mezclas (seleccione todo lo que aplique).

- ☐ Armed Xpert
- ☐ CEESIt
- ☐ DNAMix
- ☐ DNA View Mixture Solution
- ☐ DNAxs/DNAstatistX
- ☐ EuroForMix
- ☐ EFMrep
- ☐ Genética Forense Final (GFF)
- ☐ CaseSolver
- ☐ LabRetriever
- ☐ likeLTD
- ☐ LiRaHT
- ☐ LRMix/LRMix Studio
- ☐ MixCal
- ☐ PopStats
- ☐ Soft Genetics MaSTR
- ☐ STRmix
- ☐ TrueAllele
- ☐ Hoja de cálculo propia
- ☐ Otro (especificar)

6. Por favor indique el software para el cálculo del LR que usa por defecto en su laboratorio para los casos de mezclas. Especificar el número de versión.

- ☐ Armed Xpert (especificar número de versión)
- ☐ CEESIt (especificar número de versión)
- ☐ DNAMix (especificar número de versión)
- ☐ DNA View Mixture Solution (especificar número de versión)
- ☐ DNAxs/DNAstatistX (especificar número de versión)
- ☐ EuroForMix (especificar número de versión)
- ☐ EFMrep (especificar número de versión)
- ☐ Genética Forense Final (GFF) (especificar número de versión)
- ☐ CaseSolver (especificar número de versión)
- ☐ LabRetriever (especificar número de versión)
- ☐ likeLTD (especificar número de versión)
- ☐ LiRaHT (especificar número de versión)
- ☐ LRMix/LRMix Studio (especificar número de versión)
- ☐ MixCal (especificar número de versión)
- ☐ PopStats (especificar número de versión)
- ☐ Soft Genetics MaSTR (especificar número de versión)

- ☐ STRmix (especificar número de versión)
- ☐ Hoja de cálculo propia (especificar nombre y número de versión)
- ☐ Otro (especificar nombre y número de versión)

Pautas internas de interpretación

Las siguientes preguntas se refieren a las pautas internas para perfiles traza obtenidos con su kit actual predeterminado de genotipado de STR (y ciclos de PCR predeterminados, configuraciones de EC y análisis de perfil).

7. ¿Usa una cantidad mínima de ADN a partir de la cual realizará la amplificación?

- ☐ Si (especificar cantidad mínima de ADN)
- ☐ No

8. ¿Usa un umbral estocástico validado internamente?

- ☐ Si (especificar altura (RFU) del umbral estocástico)
- ☐ No

9. ¿Usa un número mínimo de *loci*/ alelos necesarios para continuar con el análisis del perfil genético?

- ☐ Si (especificar)
- ☐ No

10. ¿Usa un número máximo de contribuyentes para continuar con el análisis de un perfil genético?

- ☐ Si (especificar el número máx. de contribuyentes en un perfil mezcla que se analice en su laboratorio)
- ☐ No

11. ¿Usa un número máximo de *mismatches* permitido (ej., alelos no detectados/ *drop-outs*) entre los perfiles de referencia y de evidencia para continuar con el análisis del perfil genético?

- ☐ Si (especificar)
- ☐ No

12. ¿Usa un umbral de LR bajo el cual no informaría? (ej., un umbral de LR inferior a 100 significa que no se informan los LR inferiores a 100)

- ☐ Si (especificar el umbral inferior de LR)
- ☐ No

13. ¿Utiliza un umbral superior para informar los LR? (p. ej., un umbral superior a 1000 millones significa que todos los LR mayores de 10^9 se informan como "más de mil millones" en lugar de proporcionar los valores de LR reales, como 10^{23})

- ☐ Si (especificar el umbral superior de LR)
- ☐ No

Comentarios

14. ¿Algún otro aspecto de su práctica forense que sea importante que conozcamos?