

Ejercicio GHEP 2013:

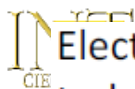
Resultados desafío forense del módulo avanzado

Sevilla 19/9/2013

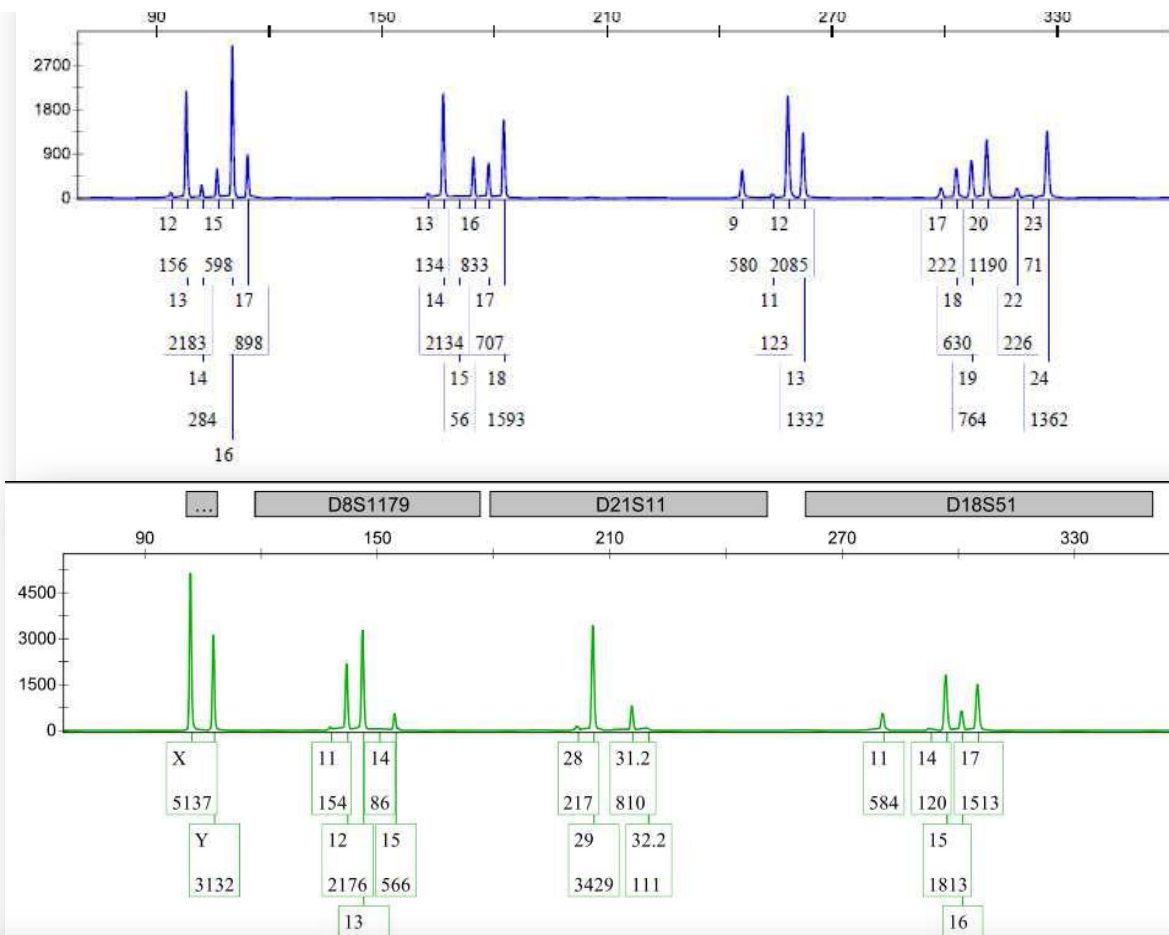
Manuel Crespillo (manuel.crespillo@mju.es)
INTCF Dpto Barcelona

ANTECEDENTES DEL CASO

Tipo de agresión	Agresión sexual
Sexo de la víctima	Mujer
Grupo étnico de la víctima	Caucásico
Lugar de la agresión	Vía pública
Ciudad	Lérida
Número de agresores declarados por la víctima	2
Posible grupo étnico de los agresores	Caucásico
Muestras remitidas	Lavado vaginal
Observaciones	Se han mantenido relaciones consentidas próximas a la agresión (24h antes)
	No uso de preservativo



Electroferograma correspondiente a la fracción espermática del lavado vaginal. Se muestran todos aquellos picos que superan el umbral de sensibilidad del laboratorio (50RFUs), (incluidos aquellos picos que pueden ser potenciales *stutters*).

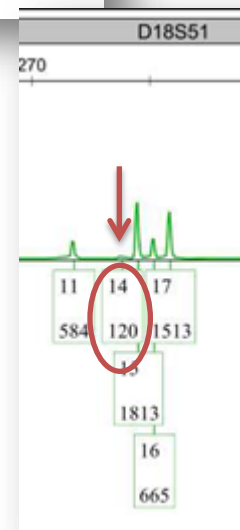
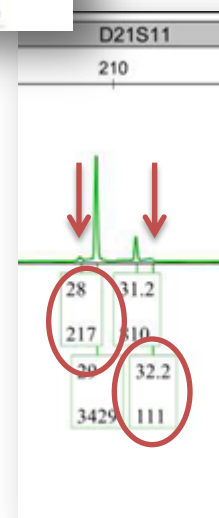
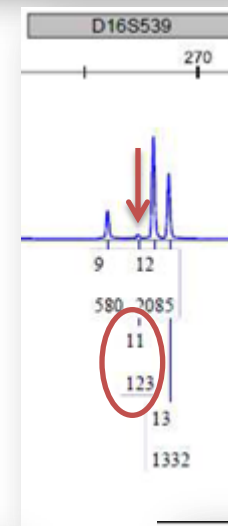
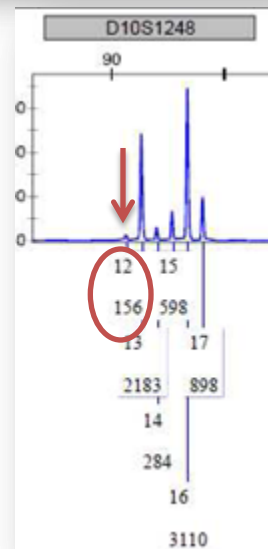


	D10S1248	vWA	D16S539	D2S1338	Amel	D8S1179	D21S11	D18S51
S1	13/16	14/18	12/13	20/24	XY	12/13	29	15/17
S2	15/17	16/17	9/13	18/19	XY	13/15	29/31.2	11/16
V	11/14	12/14	13/14	22/24	XX	13	29/32.2	15/18

S1: Sospechoso 1 S2: Sospechoso 2 V: Víctima

5.2 - Rellene en la Tabla 9 los alelos del electroferograma que han sido considerados para llevar a cabo el cálculo de LR y emitir las conclusiones de este ejercicio.

Nº	Marcadores	Alelos	
40	AMEL	X/Y	42/44 (95,42 %)
2	AMEL	XY	
7	D10S1248	12/13/14/15/16/17	30/44 (68,18 %)
1	D10S1248	13/(14)/15/16/17	
29	D10S1248	13/14/15/16/17	
1	D10S1248	13/14/15/16	
6	D10S1248	13/15/16/17	36/44 (81,81 %)
8	D16S539	9/11/12/13	
36	D16S539	9/12/13	
7	D18S51	11/14/15/16/17	37/44 (84,09 %)
37	D18S51	11/15/16/17	
7	D21S11	28/29/31.2/32.2	25/43 (58,13 %)
11	D21S11	29/31.2	
1	D21S11	29/31.2/(32.2)	
24	D21S11	29/31.2/32.2	



Remiten resultados 44 laboratorios

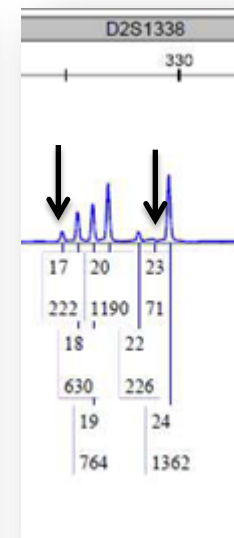
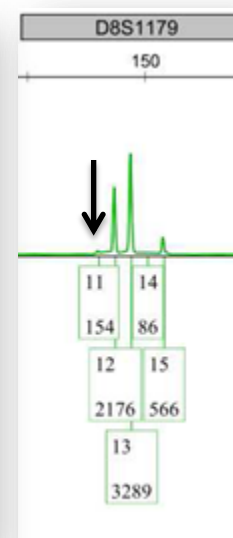
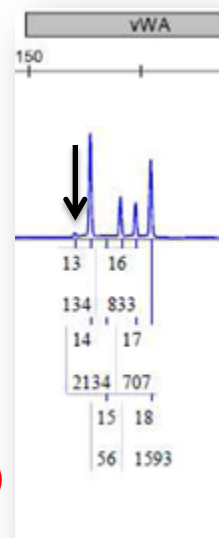
5.2 - Rellene en la Tabla 9 los alelos del electroferograma que han sido considerados para llevar a cabo el cálculo de LR y emitir las conclusiones de este ejercicio.

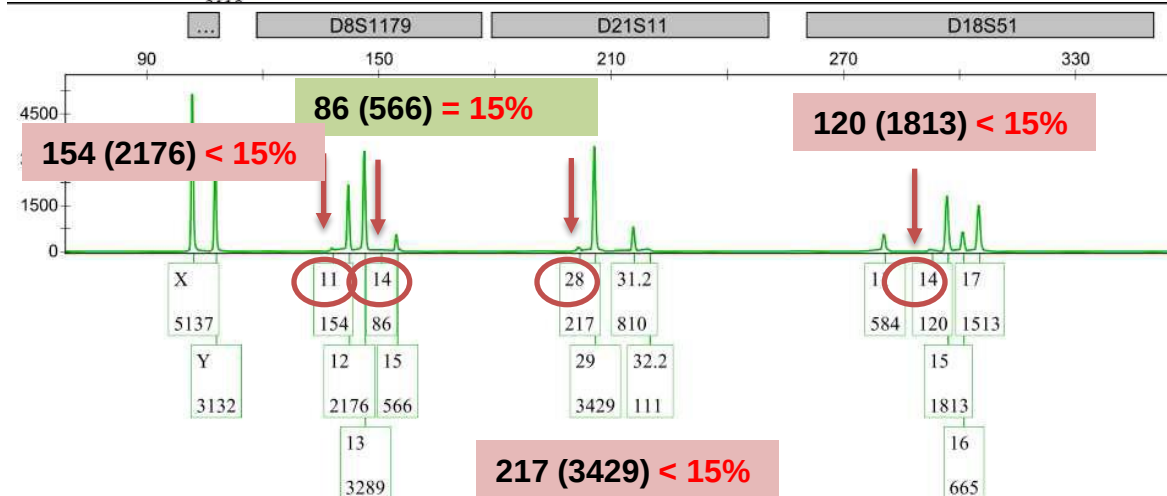
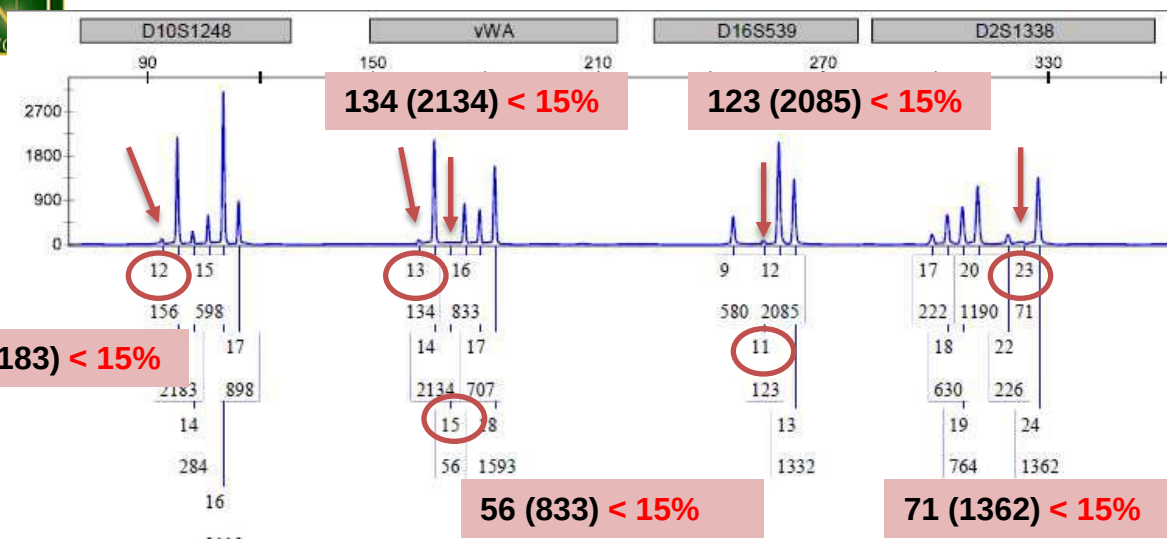
Nº	Marcadores	Alelos
1	D2S1338	(17)/18/19/20/(22)24
36	D2S1338	17/18/19/20/22/24
2	D2S1338	17/18/19/20/22/23/24
1	D2S1338	18/19/20/22/24
3	D2S1338	18/19/20/24
1	D2S1338	20/18/19/24
4	D8S1179	11/12/13/14/15
3	D8S1179	11/12/13/15
1	D8S1179	12/13/(14)/15
8	D8S1179	12/13/14/15
27	D8S1179	12/13/15
3	vWA	13/14/15/16/17/18
5	vWA	13/14/16/17/18
1	vWA	14/15/16/17/18
35	vWA	14/16/17/18

37/44 (84,09 %)

→ 35/44 (79,54 %)

→ 35/44 (79,54 %)





RESULTADO MAYORITARIO

AMEL	X/Y
D10S1248	13/14/15/16/17
vWA	14/16/17/18
D16S539	9/12/13
D2S1338	17/18/19/20/22/24
D8S1179	12/13/15
D21S11	29/31.2/32.2
D18S51	11/15/16/17

10/44 (22,72 %)

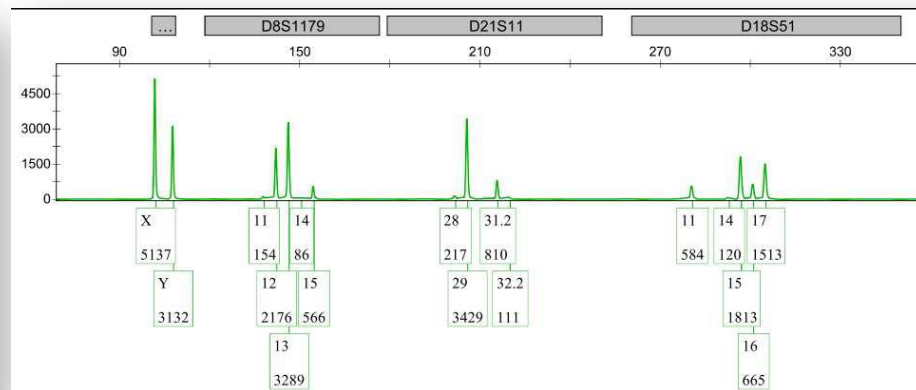
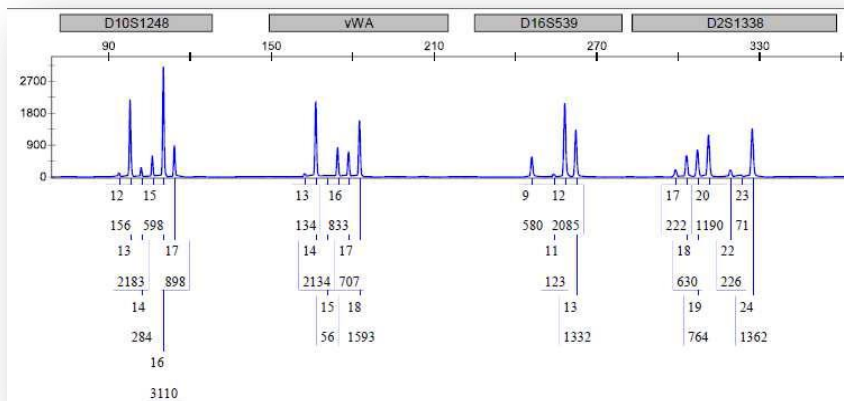


5.3 – Determine si los sospechosos (S1/S2) son compatibles con el perfil genético obtenido a partir del lavado vaginal tomado a la víctima.

		44/44 (100 %)				43/44 (97,72 %)	
S1:	Si	☒	S2:	Si	☒		
	No	☐		No	☐	1/44 (2,23 %)	

	D10S1248	vWA	D16S539	D2S1338	Amel	D8S1179	D21S11	D18S51
S1	13/16	14/18	12/13	20/24	XY	12/13	29	15/17
S2	15/17	16/17	9/13	18/19	XY	13/15	29/31.2	11/16
V	11/14	12/14	13/14	22/24	XX	13	29/32.2	15/18

S1: Sospechoso 1 **S2:** Sospechoso 2 **V:** Víctima



5.4- En caso de considerar oportuno llevar a cabo la evaluación de la compatibilidad del S1 y/o S2 con la mezcla analizada, examine las hipótesis (Hp /Hd) propuestas en la tabla 10 A para el cálculo del valor del LR. Si contempla añadir alguna opción diferente a las propuestas, escriba en la casilla de la opción D las hipótesis que considere (Hp/Hd), para el cálculo de la LR (siguiendo la nomenclatura propuesta). Si no contempla ninguna otra propuesta, déjela en blanco

Opción	LR
	Hp/Hd
A	$S1+S2+D1 / D1+D2+D3$
B	$S1+D1+D2 / D1+D2+D3$
C	$S2+D1+D2 / D1+D2+D3$
D	

S1:sospechoso 1

S2:sospechoso 2

V: víctima

D1: desconocido 1

D2: desconocido 2

D3: desconocido 3

5.5- ¿Qué propuesta o propuestas (Hp/Hd) de las mencionadas consideraría que podrían ser adecuadas para calcular su LR?. Rellene la casilla con una única opción A , B, C y/o D (ésta última en caso de haberla rellenado) (mínimo 1 propuesta, máximo 4)

	LR (Hp/Hd)
1 ^{era} propuesta	
2 ^a propuesta	
3 ^{era} propuesta	
4 ^a propuesta	

Opción	LR
	Hp/Hd
A	S1+S2+D1 / D1+D2+D3
B	S1+D1+D2 / D1+D2+D3
C	S2+D1+D2 / D1+D2+D3
D	

Gran disparidad en las propuestas de hipótesis

A (Participación conjunta de ambos sospechosos)

17/44
(38,63 %)

B (Participación separada de cada sospechoso)

4/44
(9,09 %)

A+B+C

10/44
(22,72 %)

D

4/44
9,03 %)

S1+ S2 /2D (2 labs)
S1+S2+V+D /S1+S2+D1+D2 (1 lab)
¿? (1lab)

A+D+B+C
A+D

1/44
(2,27 %)

4/44
9,03 %)

¿Valoración del LR considerando la participación conjunta los dos sospechosos o valoración separada de ambos sospechosos?



The mixed DNA-profile with suspect 1 & 2 not excluded

Locus	Genotyperingen			
D3S1358	15	16	17	19
VWA	16	17	20	
D16S539	11	12		
D2S1338	19	20	21	
D8S1179	14	15	16	
D21S11	28	29	30	32.2
D18S51	12	13	14	
D19S433	12	13	15	
THO1	7	8	9.3	
FGA	18	19	23	24



Match Probabilities DNA-profiles:

suspect 1: one in 9665 billion

suspect 2: one in 6849917 billion

Suspect 1

SGM plus Genotyperingen			MP Dutch Caucasian
D3S1358	15	16	0,148
VWA	16	17	0,129
D16S539	11	12	0,195
D2S1338	19	19	0,024
D8S1179	14	15	0,042
D21S11	28	30	0,104
D18S51	12	14	0,055
D19S433	12	12	0,008
THO	7	9	0,064
FGA	18	24	0,009
TPOX	NP	NP	1,000
CSF	NP	NP	1,000
D5S818	NP	NP	1,000
D13S317	NP	NP	1,000
D7S820	NP	NP	1,000
MP profile			1,035E-13
1 op:			9665 miljard

Suspect 2 *Rare profile*

SGM plus Genotyperingen			MP Dutch Caucasian
D3S1358	17	19	0,010
VWA	17	20	0,016
D16S539	11	12	0,195
D2S1338	20	21	0,010
D8S1179	14	16	0,015
D21S11	29	32.2	0,047
D18S51	13	13	0,019
D19S433	13	15	0,090
THO	8	8	0,018
FGA	19	23	0,021
TPOX	NP	NP	1,000

Locus	Genotyperingen			
D3S1358	15	16	17	19
VWA	16	17	20	
D16S539	11	12		
D2S1338	19	20	21	
D8S1179	14	15	16	
D21S11	28	29	30	32.2
D18S51	12	13	14	
D19S433	12	13	15	
THO	7	8	9.3	
FGA	18	19	23	24



The two suspect case: LR's and different scenario's

Person	Scenario 1 Hp	Scenario 2 Hd
Suspect 1	Contributor	Noncontributor
Suspect 2 (rare)	Noncontributor	Noncontributor

- Likelihood Ratio (LR) is defined as $\Pr(E|H_p)/\Pr(E|H_d)$, where $\Pr(E|H)$ is the conditional probability of the evidence E given hypothesis H.
- There are 1 and 2 unknown contributors to the evidentiary sample according to the hypotheses Hp and Hd.
- **RESULT: Total Likelihood Ratio is 978000** ←



The two suspect case: LR's and different scenario's

Person	Scenario 1 Hp	Scenario 2 Hd
Suspect 1	Noncontributor	Noncontributor
Suspect 2 (rare)	Contributor	Noncontributor

- Again there are 1 and 2 unknown contributors to the evidentiary sample according to the hypotheses Hp and Hd.
- RESULT: $LR = 9.32 \cdot 10^7$ ←
- The scientific evidence against suspect 2 is larger due to the rare DNA-profile of suspect 2.



The two suspect case: LR's and different scenario's

Person	Scenario 1 Hp	Scenario 2 Hd
Suspect 1	Contributor	Noncontributor
Suspect 2 (rare)	Contributor	Noncontributor

There are 0 and 2 unknown contributors to the evidentiary sample according to the hypotheses Hp and Hd.

RESULT: Total Likelihood Ratio is 8.88×10^{18}



Para reflexionar...

Suspect 1

LR= 978000

Suspect 2 (rare)

LR = 9,32 x 10⁷



Suspect 1 + Suspect 2 (rare)

LR = 8,88 x 10¹⁸

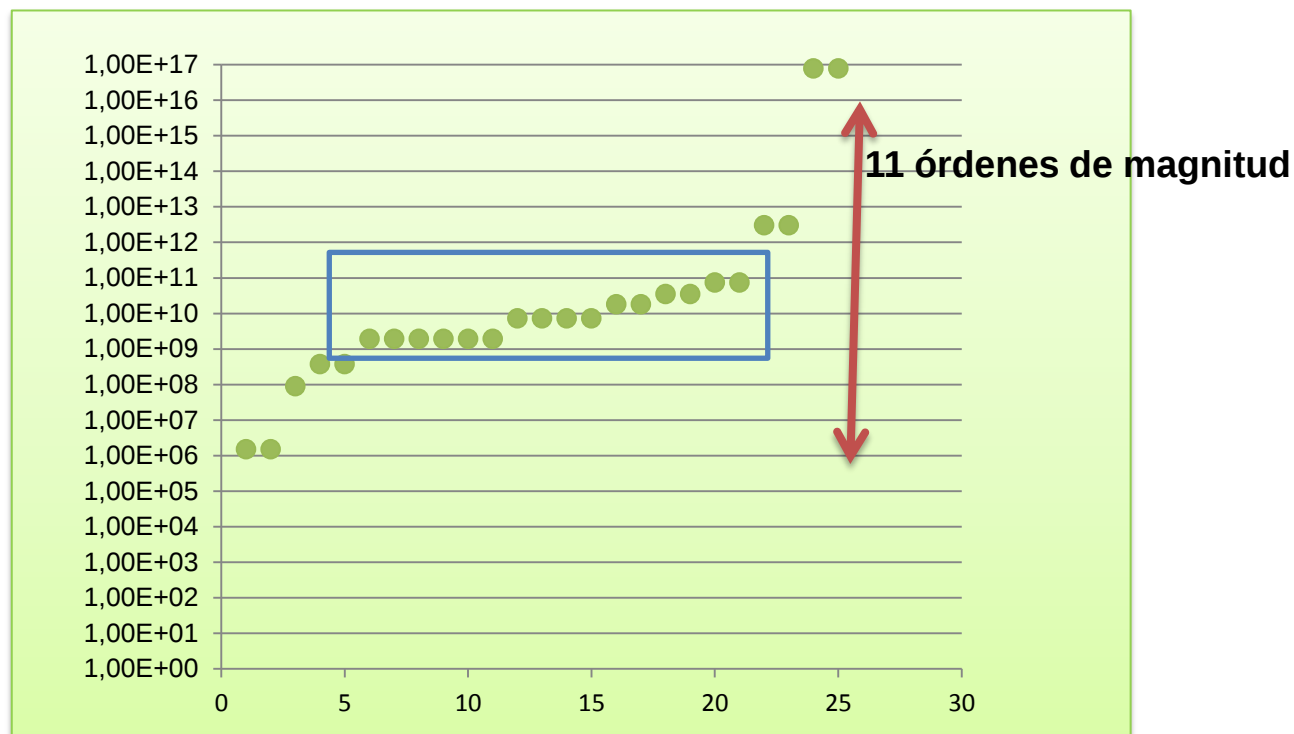
5.6- Complete la siguiente tabla (**Tabla 10C**) con los LR parciales y totales obtenidos a partir de las hipótesis que ha elegido en el punto anterior (5.5). Utilice para el cálculo la tabla de frecuencias del anexo

Refleje los valores con 4 decimales separados del número entero con coma, aplicando redondeo y en notación científica (formato Excel). Ej. 4,5674421 se reflejaría 4,5674E+00; 0,1234567 se reflejaría 1,2346E-01.

STRs	LR parcial (1 ^{era} propuesta)	LR parcial (2 ^a propuesta)	LR parcial (3 ^{era} propuesta)	LR parcial (4 ^o propuesta)
D10S1248				
vWA				
D16S539				
D2S1338				
D8S1179				
D21S11				
D18S51				
LR total				

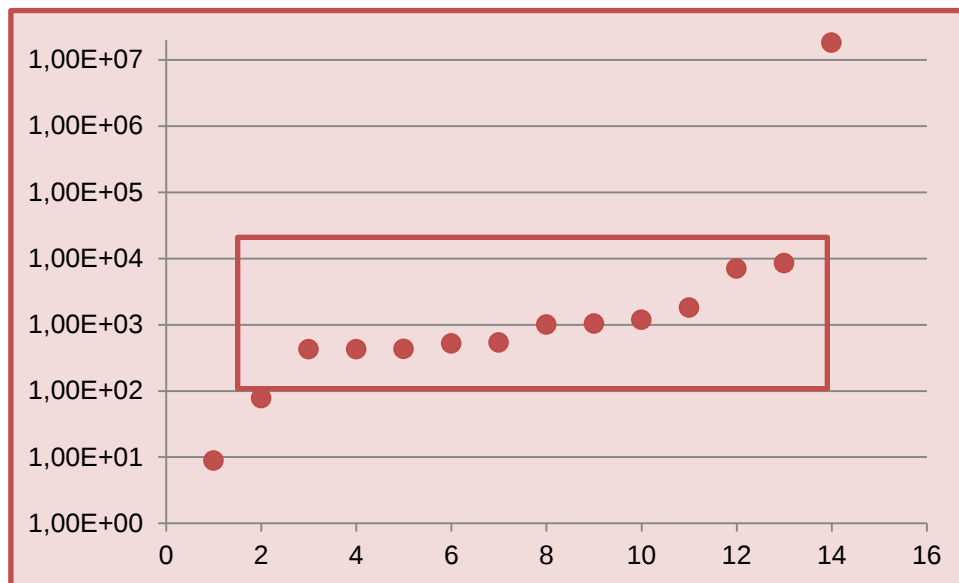
$$Hp/Hd = S1+S2+D1 / D1+D2+D3$$

Nº precinto	LR
20309	1,4944E+06
23386	1,4944E+06
23413	8,86E+07
20311	3,7226E+08
23394	3,7226E+08
20295	1,9167E+09
20358	1,9167E+09
20289	1,9175E+09
20298	1,9175E+09
20347	1,9175E+09
23167	1,9175E+09
20312	7,2645E+09
23399	7,2645E+09
20292	7,2664E+09
20350	7,2664E+09
20300	1,7758E+10
23196	1,7758E+10
20323	3,5024E+10
23405	3,5024E+10
20302	7,3760E+10
23197	7,3760E+10
20317	2,9917E+08
23404	2,9917E+08
20307	7,6959E+16
23385	7,6959E+16



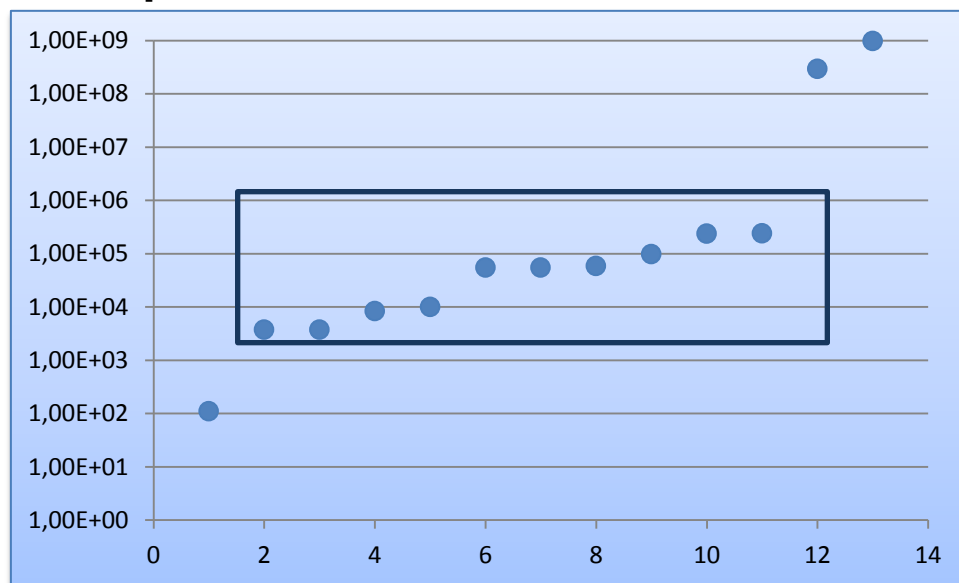
$$Hp/Hd = S1+D1+D2 / D1+D2+D3$$

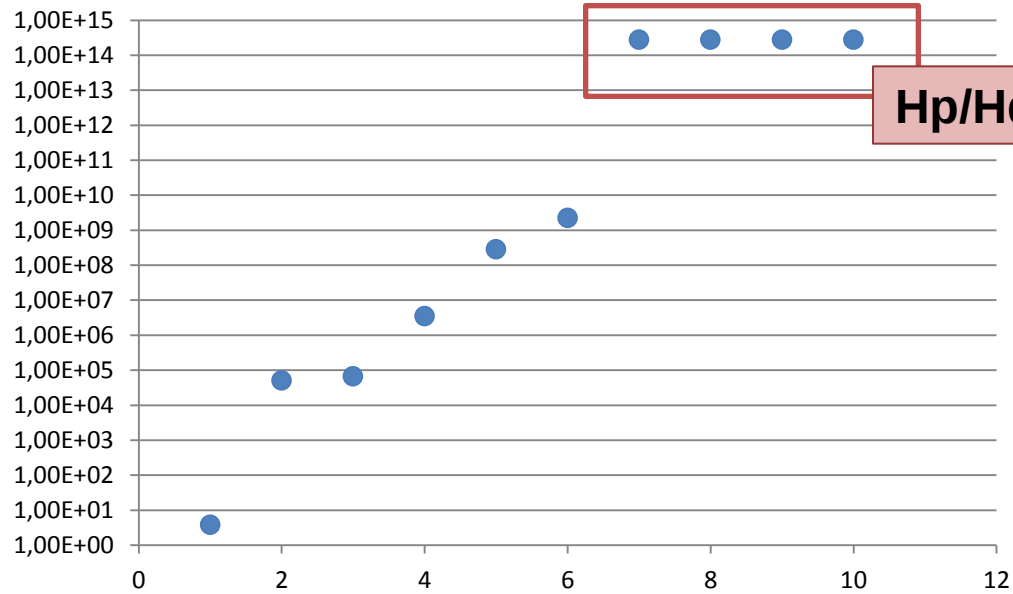
Precinto	LR
23386	8,86E+00
20352	7,78E+01
20197	4,24E+02
23413	4,24E+02
20293	4,31E+02
20287	5,20E+02
20350	5,40E+02
20295	1,00E+03
23385	1,03E+03
20294	1,19E+03
20292	1,81E+03
20302	7,02E+03
20300	8,46E+03
20291	1,82E+07



$$Hp/Hd = S2+D1+D2 / D1+D2+D3$$

Precinto	LR total
23386	1,09E+02
23197	3,71E+03
23413	3,71E+03
20352	8,26E+03
20293	9,93E+03
20295	5,43E+04
23385	5,44E+04
20300	5,87E+04
20292	9,74E+04
20294	2,34E+05
20302	2,38E+05
20350	2,93E+08
20291	9,74E+08





$$Hp/Hd = S1+S2 / D1+D2$$

Programas diferentes de cálculo

Nº precinto	LR total
20324	3,77E+00
20340	5,09E+04
23386	6,67E+04
20360	3,46E+06
23163	2,82E+08
20292	2,26E+09
20308	2,78E+14
20346	2,78E+14
20347	2,78E+14
23394	2,78E+14

Nº precinto	LR total	LR total	Programa de cálculo de LR
20287	5,20E+04 (S1)	Sin datos	Weir, B.S. et al J.Forensic Sci., 1997; 42:213-222
20291	1,80E+03 (S1)	9,74E+08 (S2)	LRmezcla (Juan A Luque)
20292	7,26E+09 (S1+S2)		DNAmix
20293	4,32E+02 (S1)	9,93E+03 (S2)	LRmezcla (Juan A Luque)
20311	3,72E+08 (S1+S2)		DNAmix
20312	7,26E+09 (S1+S2)		¿?
23167	1,72E+09 (S1+S2)		Weir, B.S. et al J.Forensic Sci., 1997; 42:213-222
23196	1,98E+10 (S1+S2)		GFFinal 2.562 b
23405	3,58E+10 (S1+S2)		DNAmix
23413	8,88E+17 (S1+S2)		DNAmix

RESULTADO MAYORITARIO

AMEL	X/Y
D10S1248	13/14/15/16/17
vWA	14/16/17/18
D16S539	9/12/13
D2S1338	17/18/19/20/22/24
D8S1179	12/13/15
D21S11	29/31.2/32.2
D18S51	11/15/16/17

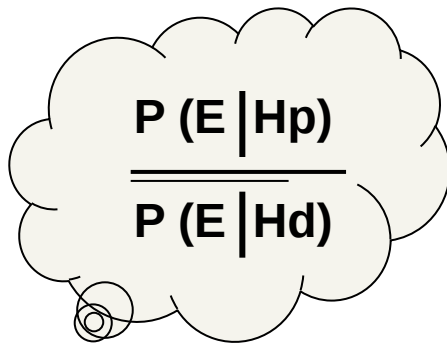
10/44 (22,72 %)

5.8-Indique qué programa/s informático/s, y/o qué fórmulas ha utilizado ha utilizado para los cálculos estadísticos

- Weir,B.S. et al., Interpreting DNA Mixtures. J.Forensic Sci., 1997; 42:213-222
- LRmezcla version 0.93b (Juan Antonio Luque).
- DNA MIX v.3
- LRmix v3.2.1
- Manualmente.
- Genética Forense Final 2.56 b
- GRAPE 3.0
- Software BDGen
- ...

20287	Los cálculos han sido realizados a mano, con ayuda de una hoja Excell, conforme a la formulación de la bibliografía de referencia: Weir, B.S. et al. Interpreting DNA Mixtures. J. Forensic Sci., 1997; 42:213-222 Buckleton, J., Triggs, C., Walsh, S.J., Forensic DNA Evidence Interpretation, CRC Press, 2005	20312	Se calculo en excel con las fórmulas publicadas en B.S. Weir et al 1997 Interpreting DNA Mixtures
20289	GFFinal 2.562 b	20317	DNAMix v3.2
20291	- LRmezcla version 0.93b (Juan Antonio Luque)	20323	Planilla Excell LR Mezcla versión 0.93", cedida por el Dr. Juan Antonio Luque.
20292	DNAMIX. Weir et. al. version 2LRMIX version 3.0.0.	20324	PROGRAMA INFORMATICO: GRAPE 3.0 se adjuntan fórmulas y reporte del programa.
20293	LRmezcla.v093b.nuevo ESS.09-20111. Se ha considerado que el perfil mezcla analizado era firme candidato a ser analizado mediante el programa Forensim. No obstante, no ha sido posible calcular la probabilidad de dropout conjunta, siendo solamente posible hacerlo de forma parcial, por lo que no se ha llevado a cabo dicho análisis.	20325	DNA MIX4
20294	DNA MIX v.3	20331	genetica forense v 2.561b
20295	DNAMix v1, DNAMix v3 y LRMix v3.2.1	20346	El calculo se realizo con el software BDGen (Martinez GG, Vázquez BS, Vicentin AA, y Vázquez LE. BDGen, base de datos y herramienta de análisis estadísticos de patrones genéticos. Arch. Fac. Med. Zaragoza, Avances en Genética Forense, 43, 2: 92-94)
20298	LOS CACULOS ESTADISTICOS HAN SIDO REALIZADOS DE FORMA MANUAL.	20347	software desarrollado por Antonio Vozmediano González version 2.51b
20299	Opcion A: AB LR: $1/(2frecAfrecB(2frecA^2+3frecAfrecB+2frecB^2))$ ABC LR: $1/(12frecAfrecBfrecC(frecA+frecB+frecC))$ ABCD LR: $1/(24frecAfrecBfrecCfrecD)$ Opción B y C: Mezcla: AB Sospechos: AA LR: $(2frecA+frecB)/(2frecA(2frecA^2+3frecAfrecB+2frecB^2))$ Mezcla: AB Sospechoso: AB LR: $(frecA+frecB)^2/(2frecAfrecB(2frecA^2+3frecAfrecB+2frecB^2))$ Mezcla: ABC Sospechoso: AB LR: $(2frecA+2frecB+frecC)/(12frecAfrecB(frecA+frecB+frecC))$ Mezcla ABCD Sospechoso AB LR: $1/(12frecAfrecB)$	20350	The suspect S1 and S2 are compatible with the genetic profile obtained from the victim's vaginal washing.
20300	El programa informático utilizado ha sido Genética Forense Final desarrollado por Antonio Vozmediano v.2.35b. Se han elegido las opciones "Mezcla de tres personas" - "Dos indubitadas" - "No podemos fiar ninguna"	20352	Hemos utilizado el programa informático DNAMIX 3.0. En nuestro laboratorio no realizamos a priori, cálculos estadísticos de mezclas de más de dos contribuyentes. No se han tenido en cuenta algunos alelos del electroferograma por no tener forma de producto alélico en el formato facilitado para resolver el ejercicio (Alelo 15 del marcador vWA; alelo 23 del marcador D2S1338 y alelo 14 de D8S1179).
20302	Genetica Forense Final 2.56 b	20358	El programa utilizado es DNAMIX
20307	Calculo manual com Excell 2007 Formulas en folha anexa aos eletroforegramas.	23385	DNA MIX 3.2
20308	2 alelos mayoritarios (ab): $H_p = 1$; $H_d = 6 * F(al.a)^2 * F(al.b)^2 + 4 * F(al.a)^3 * F(al.b) + 4 * F(al.a) * F(al.b)^3$ 3 alelos mayoritarios (abc): $H_p = 1$; $H_d = 12 * F(al.a) * F(al.b) * F(al.c) * (F(al.a) + F(al.b) + F(al.c))$ 4 alelos mayoritarios (abcd): $H_p = 1$; $H_d = 24 * F(al.a) * F(al.b) * F(al.c) * F(al.d)$	20360	Since one locus (D2S1338) shows 7 alleles, the number of contributors is ≥ 3 . Both suspect S1 and S2 are compatible with the genetic profile obtained from the victim's vaginal washing. The probability that there are 2 more (unknown) contributors is higher respect to 1 more contributor only. Drop in/out probability has been considered.
20309	Los cálculos han sido realizados mediante el empleo de los programas estadísticos LRmezcla versión 0.93b. nuevo ESS (Dr Luque) y "Genetica Forense Final v2.562b". Se adjuntan los reportes generados.	23167	23386
20311	DNA Mix Versión 1. formulas de Weir et al. journal of forensic Sciences. 1997. 42(2):213-222	23392	nuestro programme informatico no permite hacer el calculo con 3 contribuyente
		23394	Programa: LRmezcla versión 0.93b. nuevo ESS Autor: Juan A. Luque
		23399	LRmezcla versión 0.93b. nuevo ESS- de JUAN LUQUE
		23404	Programa Weir, B.S., Triggs, C.M., Stirling, I., Stowell, L., Walsh, K.A.J., Buckleton, J., Interpreting DNA Mixtures. J. Forensic Sci. 1997; 42(2):213-222
		23196	23405 El programa DNAMIX, el cual sigue los lineamientos propuestos por WEIR B.S. y col. (1997).
		23197	23413 Se utilizó el programa DNAMIX v3.2
		23198	The donors of reference samples identified as S1 and S2 could not be excluded as contributors for the mixed profile obtained from the victim's vaginal washing. These results are supported by the statistical analyses performed in a extreme strong way.
		23378	DNAMIX2.0
		23384	GENÉTICA FORENSE (http://antonio.scienceontheweb.net)

5.7- Emita las conclusiones que recogería en un dictamen respecto a la compatibilidad o no del S1 y S2 en el perfil mezcla analizado.


$$\frac{P(E | H_p)}{P(E | H_d)}$$

E = El hallazgo científico (= perfil genético)

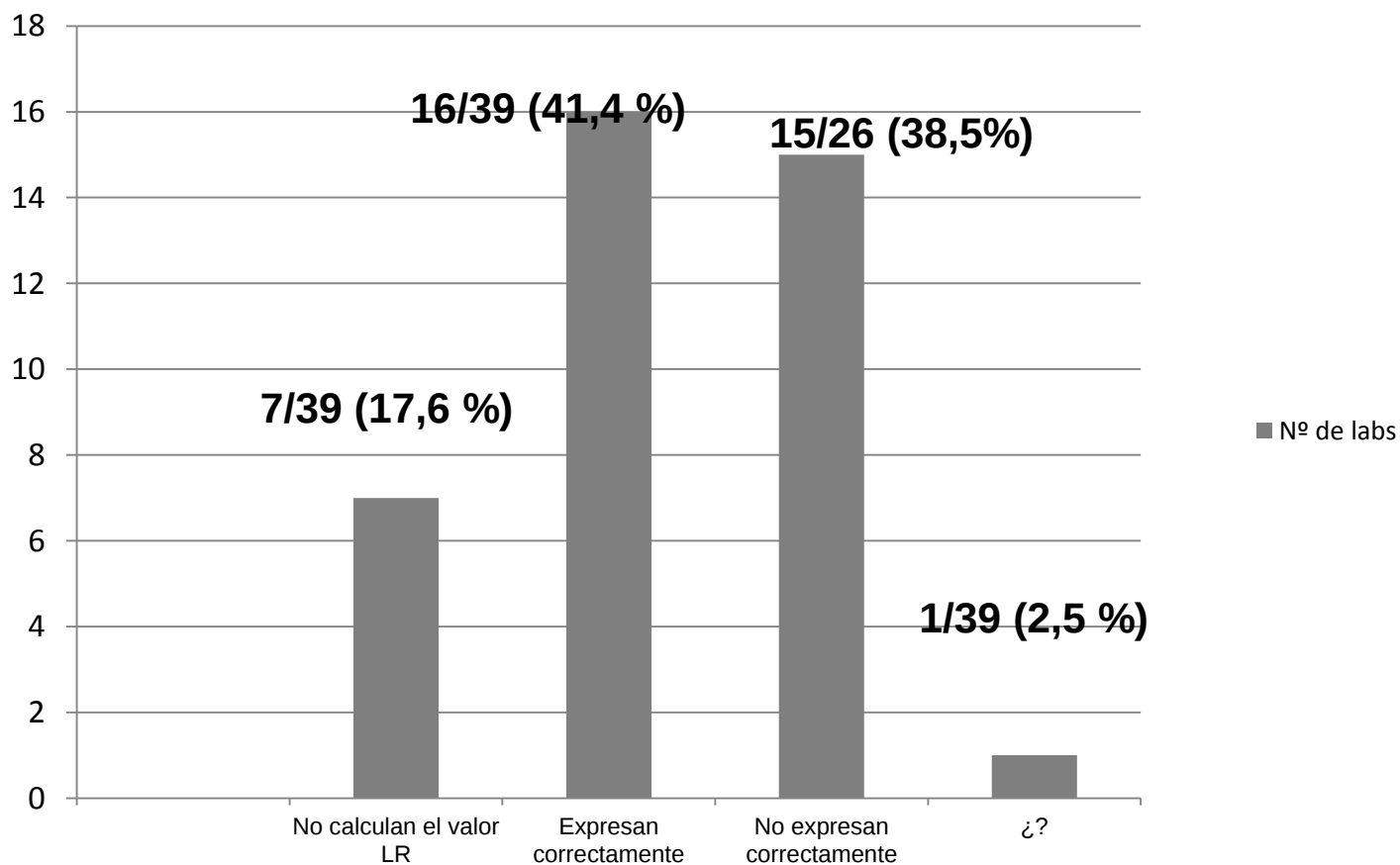
$$\text{LR} = \frac{\text{Probabilidad del hallazgo científico bajo la hipótesis del FISCAL}}{\text{Probabilidad del hallazgo científico bajo la hipótesis de la DEFENSA}}$$

Expresión del valor LR

- El valor del LR permite comparar la probabilidad de una determinada observación (perfil genético) bajo dos hipótesis mutuamente excluyentes.
- El valor del LR no permite establecer la probabilidad con la que un determinado individuo ha contribuido o es el donante del perfil procedente de una cierta evidencia. NO ES LA PROBABILIDAD DE UNA HIPÓTESIS CONTRA LA HIPÓTESIS ALTERNATIVA

Tampoco, el LR permite establecer si un individuo es o no culpable de un determinado hecho delictivo

Expresión del valor LR



Solo hay datos de 39 laboratorios

expresamos de forma similar a la situación tipo: "S1 es compatible como contribuyente a la mezcla de perfiles estudiada; realizado el cálculo estadístico se obtiene una razón de máxima verosimilitud de 52029,8040, que indica las veces que es más probable obtener dicha mezcla de perfiles. Si a

La probabilidad del PERFIL
GENETICO

SUPONIENDO QUE

....contribuye S1 y un desconocido frente a que contribuyan 2 desconocidos

Si

....contribuye S1 y un desconocido frente a que contribuyan 2 desconocidos

BAJO

CONSIDERANDO

...la hipótesis Hp frente a encontrar ese perfil
(bajo/considerando/dada) la hipótesis Hd

DADA

...

genéticos obtenidos en los dos sospechosos y una persona desconocida han contribuido al mismo que si fueran tres personas no emparentadas tomadas al azar en la población.

desconocidos. Resultado para S1: $LR = 1.8171E+3$. Por tanto, la obtención de una mezcla como esta sería unas 1800 veces más probable si los restos biológicos presentes en ella procedieran de S1 y de dos individuos al azar en la población que si procedieran de tres individuos al azar en la población. Resultado para S2: $LR = 9.7443E+4$. Por tanto, la obtención de

LOS PERFILES S1 Y S2 SON COMPATIBLES CON EL PERFIL MEZCLA ANALIZADO. SE COMPRUEBA QUE ES $1,9175E+09$ VECES MAS PROBABLE QUE A LA MEZCLA HAYAN CONTRIBUIDO S1, S2 Y UN INDIVIDUO DESCONOCIDO, QUE A LA MEZCLA HAYAN CONTRIBUIDO TRES INDIVIDUOS AL AZAR NO RELACIONADOS.

La obtencion del perfil genetico de lavado vaginal $7,6959E+16$ veces más probable que provenga de el sospechoso S1 mas el sospechoso S2 e un desconhecido, que si procidiera de tres individuos al azar de la población no

Es $3,7226E+08$ más probable que S1, S2 y el Individuo masculino desconocido (D1) sean los contribuyentes a la mezcla de perfiles genéticos observada en la fracción de espermatozoides del lavado vaginal tomado a la Victima que si los contribuyentes a la mezcla son otros tres (3) individuos al

Opción A: El valor de verosimilitud que establece la probabilidad de la evidencia, dado que la mezcla procedente del lavado vaginal contiene los genotipos de S1, S2 y un desconocido D1, en comparación con la hipótesis alternativa de que la mezcla proviene de tres sujetos desconocidos -D1, D2 y D3- tomados de la población de referencia es de $7,3760E+10$.

Opción B: El valor de verosimilitud que establece la probabilidad de la evidencia, dado que la mezcla procedente del lavado vaginal contiene los genotipos de S1 y de dos desconocidos D1 y D2, en comparación con la hipótesis alternativa de que la mezcla proviene de tres sujetos desconocidos -D1, D2 y D3- tomados de la población de referencia es de $7,0223E+03$.

Opción C: El valor de verosimilitud que establece la probabilidad de la evidencia, dado que la mezcla procedente del lavado vaginal contiene los genotipos de S2 y de dos desconocidos D1 y D2, en comparación con la hipótesis alternativa de que la mezcla proviene de tres sujetos desconocidos -D1, D2 y D3- tomados de la población de referencia es de $2,3789E+05$.

Por consiguiente, la opción A es $1,0504E+07$ más probable que la opción B y $3,1006E+05$ veces más probable que la opción C.

CONCLUSIONES

1º- RESULTADOS: El 22,72 % (10/44) de los participantes consensuaron un resultado para el perfil mezcla.

- Por marcadores STRs: **84,09%** (D18S51 y D21338) **58,13 %** (D21S11).
- Mayor dispersión de datos en la asignación de alelos en posición stutter.

2º-PLANTEAMIENTO DE HIPÓTESIS: Alta dispersión en el planteamiento de hipótesis

Predomina valorar el LR considerando conjuntamente la participación simultanea de los dos sospechosos. **VALORAR LOS ANTECEDENTES DEL CASO PARA EL PLANTEAMIENTO CORRECTO DE LAS HIPÓTESIS**

3º- EXPRESIÓN DEL VALOR LR:

Debemos esforzarnos en una correcta transmisión del significado del dato

AGRADECIMIENTOS

Koro Fernandez (INTCF Madrid)

Ruth Pérez Vargas (INTCF Barcelona)