



Ejercicio colaborativo de mezclas para marcadores autosómicos GEP-ISFG 2010

30 de agosto de 2011

Pedro A Barrio (pedroalberto.barrio@mju.es)
Juan Antonio Luque (juan.luque@mju.es)
Manuel Crespillo (manuel.crespillo@mju.es)

INTCF Dpto Barcelona



MOTIVO:

- Seguir avanzando en el conocimiento de este tipo de muestras y dar continuidad al ejercicio **GHEPMIX2009**.
- Ausencia de criterios.
- Bases de datos de criminales.

OBJETIVO:

- Marcar la “mezcla tipo” que permite establecer una homogeneidad de resultados.
- Poder establecer una guía sencilla y básica para llevar a cabo dicho tipo de interpretaciones.
- Si se considera oportuno, y a la vista de los resultados, proponer un ejercicio con un grado superior de complejidad.

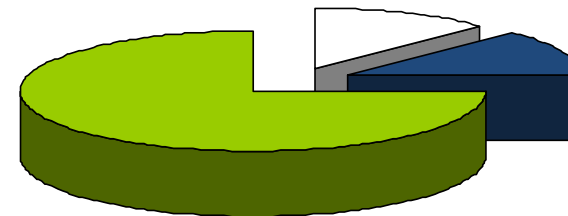
PLANTEAMIENTO:

- Dos mezclas de dos (1:5) y tres componentes (2:1:1) respectivamente a distintas concentraciones.
- Las muestras serán analizadas con el kit Identifiler® .
- Disponibles los archivos electrónicos en <http://www.gep.isfg.org> (muestras, escalera alélica y los controles negativos y positivos).
- Parte estadística: bajo dos hipótesis cerradas y frecuencias poblacionales únicas se valoran 6 marcadores STRs (EFG).
- Formulario de respuestas.

1. Indique que tipo/s de casuística se lleva a cabo en su laboratorio:

Laboratorios	2009	2010
Solicitantes	51	30
Participantes	32 (68 %)	24 (80%)

Tipo de casuística	2009	2010
Forense	3	3
Paternidades	5	3
Ambas	24	18

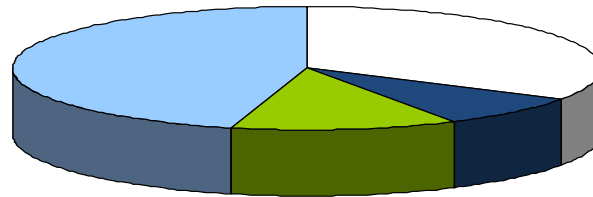


□ Forense ■ Paternidades ■ Ambas

- El 87 % de los labs que emiten resultados trabajan en el ámbito forense

2. ¿Remite su laboratorio perfiles de ADN a bases de datos de interés criminal?

Laboratorios	Nacionales	Propias	Ambas	No
2009	7(21,9 %)	2(6,2%)	4 (12,5%)	19 (59,4%)
2010	8 (33%)	2 (8)	3 (13%)	11 (46%)

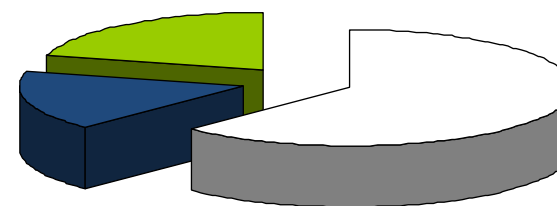


□ Nacionales ■ Propias ■ Ambas ■ No

- Datos similares al ejercicio anterior, predominan los laboratorios que no envían a B de D nacionales (11 vs 13).

3. Indique si en la casuística diaria su laboratorio emite resultados de perfiles mezclados de marcadores autosómicos:

Laboratorios	Si	No	Si hay muestra de referencia
2009	14 (43,75%)	9 (28,125%)	9(28,125%)
2010	16 (65 %)	4 (15%)	5 (20%)



□ Si ■ No ■ Si hay muestra de cotejo

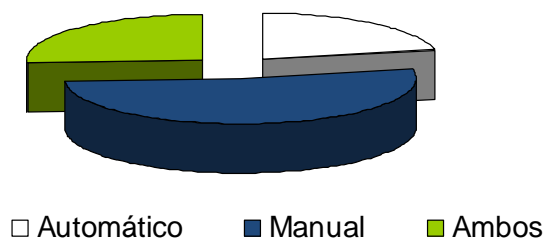
4. En el caso de obtener un perfil mezcla...:

Los perfiles...	Si son remitidos a B de D Criminales	No son remitidos a B de D Criminales	Se reflejan sólo en el dictamen
2009	3 (9,3 %)	14 (43,7%)	15 (46,8%)
2010	5 (22%)	8 (35%)	10 (43 %)

Sigue siendo minoritario los laboratorios que emiten resultados mezcla a B de D

5. Cuando interpreta perfiles mezclados, la asignación alélica de los componentes de la mezcla mediante:

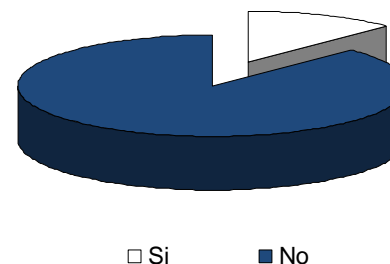
Mediante método	Automático	Manual	Ambos
2009	3 (9,3%)	18 (56,2%)	10 (31,2%)
2010	5 (22%)	12 (52%)	6 (26%)



Mediante método	Automático
DNAMIX v.3.0	2
Gene Mapper IDX	3

6. Los criterios empleados para llevar a cabo la interpretación de mezclas en su laboratorio han sido validados.

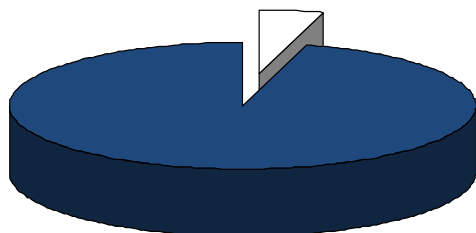
Validados	Si	No
2009	5 (16,1%)	26(83,8%)
2010	3 (12,5%)	21 (87,5%)



ESCASO número de labs con métodos validados para interpretación de mezclas

7. ¿Qué programa de edición ha utilizado?

Mediante método	Genemapper	Genescan	Genotyper	PeakScanner	Versión	Nº
2009	29 (90,6%)	2(6,25%)	1(3,15%)	0	ID-X	3
2010	23 (96%)	0	0	1(4%)	ID-X1.0	1
					ID-X1.1.1	1
					IDX1.2	1
					ID1.2	1
					ID3.2	9
					ID3.2.1	7



□ Peakscanner ■ Genemapper

8. En el presente ejercicio los alelos han sido asignados cuando el pico supera los:

	150 RFUs	100 RFUs	50 RFUs	Otros
2009	1 (3,1%)	10 (31,25%)	21 (65,52%)	
2010 (%)	2 (8%)	4 (16%)	18 (76%)	

Otros
Nivel del ruido de fondo
Kit utilizado y número de ciclos de la PCR
Posición de posible stutter
> 15% del alelo principal
Morfología del pico

9. Las posiciones “stutter” (n-4) han sido asignadas como posibles alelos:

	Superan 15%	Ninguna <150 RFUs	Ninguna < 100 RFUs	Ninguna < 50 RFUs	Variable	Otros
2009	16	2	2	4	20	
2010	7 (29%)	0	1(4%)	1(4%)	9(38%)	6 (25%)

Varias opciones
Superan 15% y ninguno por debajo de 50 RFUs
Ninguno por debajo de 50 RFUs y variable según el marcador
Los que superan el 15% y según el marcador

10. ¿Qué criterios emplea para definir un perfil como mezcla?

	> 4 STRs con >3 alelos	> 3 STRs con >3 alelos	> 2 STRs con >2 alelos	Desbalanceo amelogenina (exclusivamente)	Varios criterios
2009	4 (12,5%)	8 (25%)	18(56%)	2 (6,5%)	4
2010	3	4	9	0	8



- Más de dos alelos en al menos dos marcadores STRs.
- Desbalanceo alélico (heterocigotos < 60%)
- Observación general (diferentes locis) del EFG

Definitions

A stain exhibiting more than two alleles in a single DNA system¹ shall be considered a mixed stain except in the case of genetic irregularities (e.g., trisomy, somatic mosaicism, or duplication). If more than two alleles are observed in at least two DNA systems, the presence of a mixed stain shall be assumed.

The number of possible contributors to a mixed stain shall be derived, if possible:

- In general, the presence of not more than four alleles in a given system allows the assumption of at least two independent stain donors.
- In general, the presence of not more than six alleles in a given system allows the assumption of at least three independent stain donors.
- In general, if more than six alleles are observed in a given system, the exact number of stain donors cannot be reliably determined.

11 ¿Cuál o cuales son los principales obstáculos en su laboratorio a la hora de interpretar mezclas?

	Falta de criterio único	Falta de formación	No obstáculos	Varios
Total	2	6	3	13

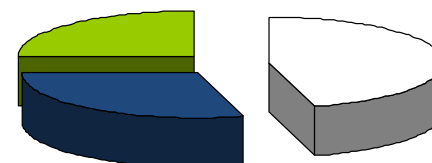
Otros
Difícil aplicación de los criterios publicados
Mezclas muy desproporcionadas (< 1:16)
Falta de experiencia/casuística
Mezclas con más de dos individuos

Otros
Muestras con poco ADN y/o degradado
Falta de recursos informáticos validados
Diferente comportamiento de los kits
Interpretación manual laboriosa

Varios	
6	Falta de criterio único y formación
1	Falta de formación y la limitación de la muestra
6	Otros

12. ¿Usa algún programa para el cálculo del LR?

	Si	No	Ambos
Total	11 (46%)	7 (29%)	6 (25%)



□ Si ■ No ■ Ambos

Programas
Propios
Programa GRAPE
DNA MIX v3.2
Genemapper ID-X v.1.2

Manual (bibliografía)

Weir et al., J Forensic Sci.1997; 42(2):213-222

Carralero Yepes J. (2006). Matemáticas aplicadas a la genética forense. Ministerio del Interior. Cap 4: 89-108

Curran JM et al. Interpreting DNA mixtures in structured populations. J. For Science 44(5): 987-995, 1999.

Evett IA, Weir BS. Interpreting DNA evidence. Statistical Genetics for Forensic Scientists. Sunderland MA, Sinauer, 1998.

P. Schneider et al. (2009) Int J Legal Med 123:1-5

DNA commission of the International Society of Forensic Genetics: Recommendations on the interpretation of mixtures, P. Gill a,*, C.H. Brenner b, J.S. Buckleton c, A. Carracedo d, M. Krawczak e, W.R. Mayr f, N. Morling g, M. Prinz h, P.M. Schneider i, B.S. Weir, Forensic Science International 160 (2006) 90–101

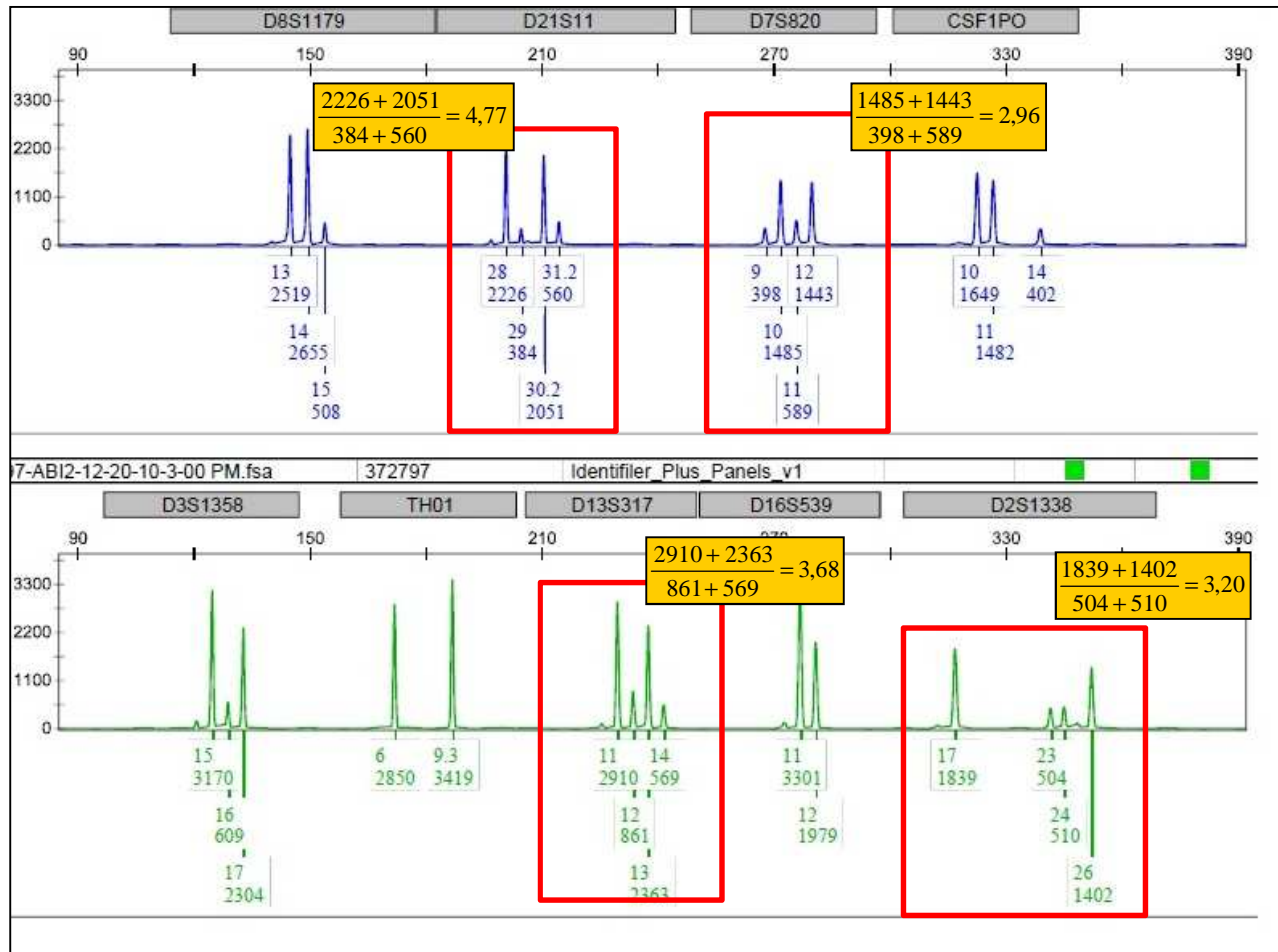
M1 (5:1)

	Tejido	Extracción	[ng/μl]	IPC	[1ng en...μl]	5:1 (μl)	X5 (μl)
1	Sangre	orgánica	2,21	28,70			
2	Sangre	orgánica	1,97	28,91			
3	Sangre	orgánica	2,08	28,79			
4	Sangre	orgánica	1,25	28,94			
5	Sangre	orgánica	1,21	29,09	0,83	4,13	20,66
6	Sangre	orgánica	0,466	29,14			
7	Sangre	orgánica	0,809	29,20			
8	Sangre	orgánica	1,23	29,07	0,81	0,81	4,07
9	Sangre	orgánica	0,736	29,12			
10	Sangre	orgánica	1,47	29,07			

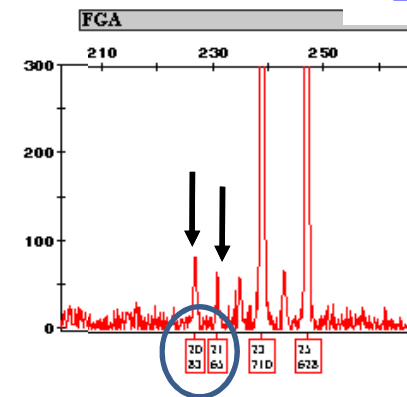
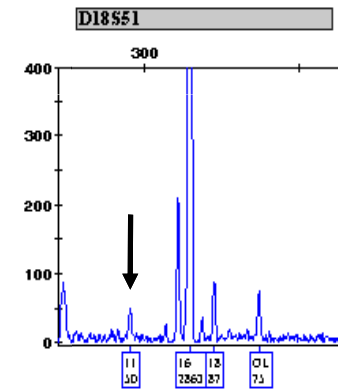
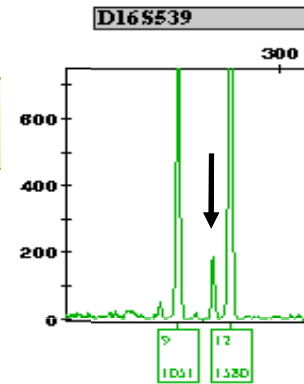
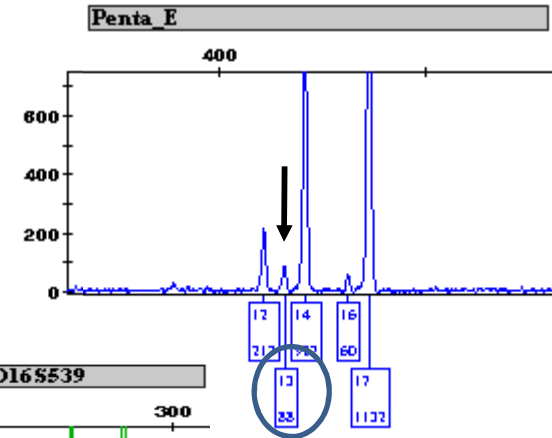
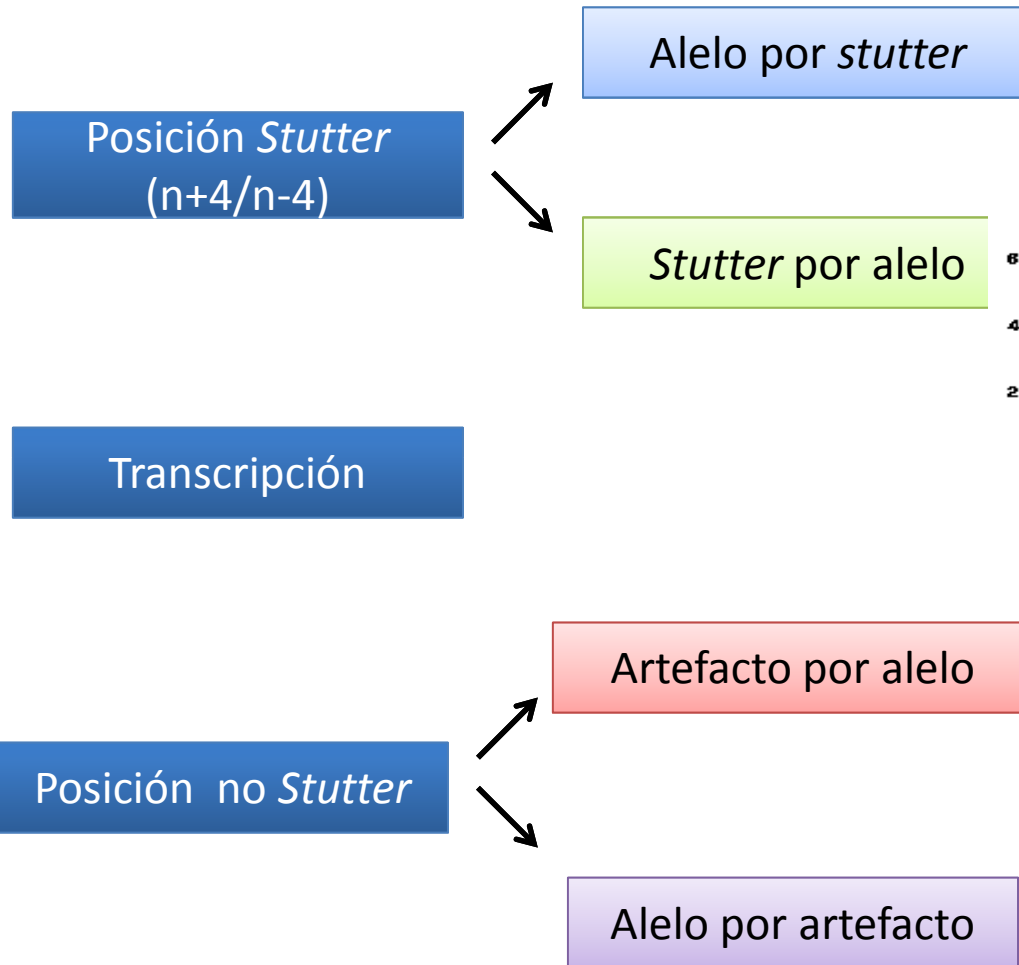
[ng/μl] teorica	[ng/μl] real	IPC	1 ng en...μl
1	1,81	29,63	0,55

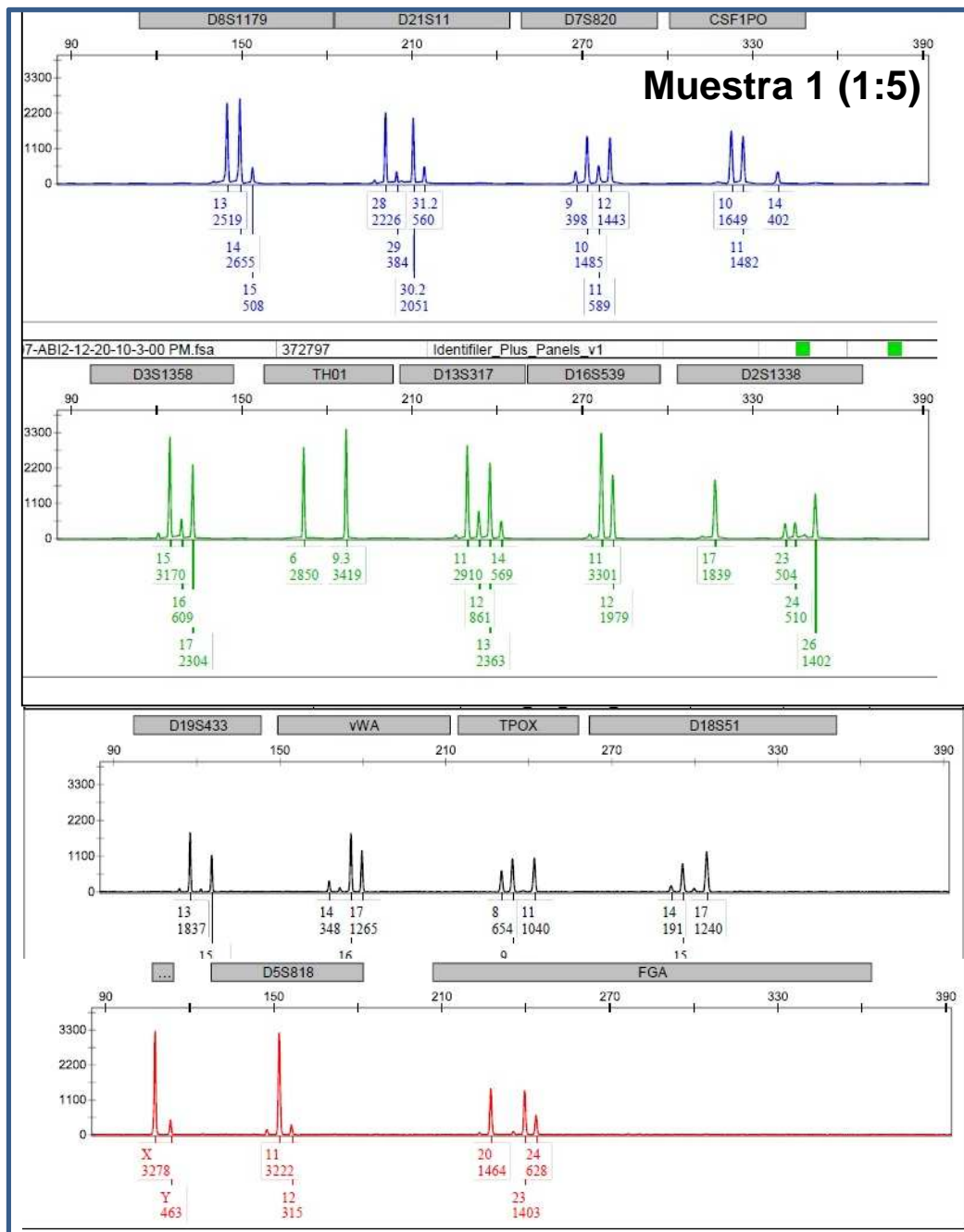
AmpFℓSTR® Identifier™																		
	D8S1179	D21S11	D7S820	CSF1PO	D3S1358	TH01	D13S317	D16S539	D2S1338	D19S433	VWA	TPOX	D18S51	Amel	D5S818	FGA		
1	13 15	29	8	10	17 18	6	11 13	12	17	12 14	15	8	14 16	X X	11 13	19 22		
2	13 14	28 30	9 12	10 11	17	6 7	11 13	9 11	20 26	13 14	16 20	8 11	14 17	X X	11	20 23		
3	11 14	28 29	10	11	15 17	6 7	9 11	8 12	16 23	13 14.2	16	8 10	14 17	X Y	11 12.1*	24		
4	12 13	29	9 10	10 12	15 16	7 9	12	11 12	17 20	13 15	15 17	8 9	12 17	X X	10 12	21 25		
5	13 14	28 30.2	10 12	10 11	15 17	6 9.3	11 13	11 12	17 26	13 15	16 17	9 11	15 17	X X	11	20 23		
6	11 15	29 31.2	11 12	10	17 18	6 9	8 11	11	17	12 13	17	8 11	12 15	X Y	9 11	19 21		
7	12 13	29 31	8 11	11 12	15 16	8	12	9 11	20	13 14	15 20	8 9	16 25	X X	11 12	20 24		
8	14 15	29 31.2	9 11	10 14	15 16	6 9.3	12 14	11	23 24	13	14 16	8	14 17	X Y	11 12	24		
9	13 15	31 31.2	11 12	10 11	15 18	8 9.3	12	9 11	17 20	12 13	16 20	8 9	17 25	X Y	11 12	20 22		
10	11 13	30 32.2	10	11 12	14 16	6 7	8 12	11	22 26	11.2 15	18	8	13 16	X Y	12 13	19 25		

RESULTADOS (Muestra 1): Proporción de contribuyentes



TIPOS de ERRORES





RESULTADOS (Muestra 1):

	5	8	M1 (5+8)
			5:1
D8S1179	13-14	14-15	13-14-15
D21S11	28-30.2	29-31.2	28-29-30.2-31.2
D7S820	10-12	9-11	9-10-11-12
CSF1PO	10-11	10-14	10-11-14
D3S1358	15-17	15-16	15-16-17
TH01	6-9.3	6-9.3	6-9.3
D13S317	11-13	12-14	11-12-13-14
D16S539	11-12	11	11-12
D2S1338	17-26	23-24	17-23-24-26
D19S433	13-15	13	13-15
vWA	16-17	14-16	14-16-17
TPOX	9-11	8	8-9-11
D18S51			
Amel	XX	XY	XY
D5S818	11	11-12	11-12
FGA	20-23	24	20-23-24

	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 4	Alelo 5
	13	14	15		
D8S1179	Todo OK	Todo OK	Todo OK		
	28	29	30.2	31.2	
D21S11	Todo OK	Todo OK	Todo OK	Todo OK	
	9	10	11	12	
D7S820	Todo OK	Todo OK	Todo OK	Todo OK	
	10	11	14		
CSF1PO	Todo OK	Todo OK	Todo OK		
	15	16	17		
D3S1358	Todo OK	Todo OK	Todo OK		
	6	9,3			
TH01	Todo OK	Todo OK			
	11	12	13	14	
D13S317	Todo OK	Todo OK	Todo OK	Todo OK	
	11	12			
D16S539	Todo OK	Todo OK			
	17	23	24	26	25(añade)
D2S1338	Todo OK	Todo OK	Todo OK	Todo OK	1 lab
	12(x13)	13	15		
D19S433	1 lab	Todo OK	Todo OK		
	14	16	17	15(añade)	
vWA	Todo OK	Todo OK	Todo OK	1 lab	
	8	9	11		
TPOX	Todo OK	Todo OK	Todo OK		
	14(omiten)	15	17	NC	
D18S51	3 labs	Todo OK	Todo OK	1 lab	
	10 (añade)	11	12(omiten)		
D5S818	1 lab	Todo OK	1 lab		
	20	23	24		
FGA	Todo OK	Todo OK	Todo OK		

Errores	Labs
7/45 (15,5%)	6/24 (25%)

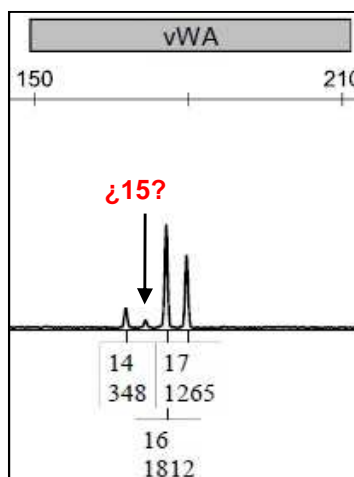
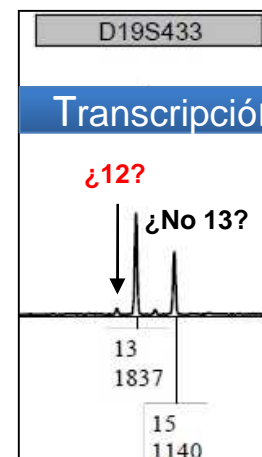


Errores concentrados
5/7 (72%)

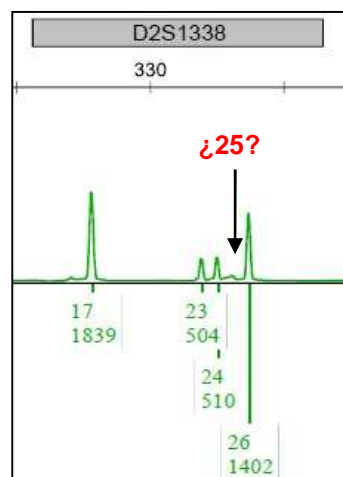
En 2 labs se concentran el 72 % de los errores

RESULTADOS (Muestra 1): Discrepancias

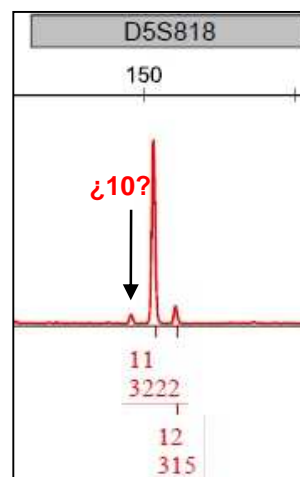
	17	23	24	26	25(añade)
D2S1338	Todo OK	Todo OK	Todo OK	Todo OK	1lab
	12(x13)	13	15		
D19S433	1 lab	Todo OK	Todo OK		
	14	16	17	15(añade)	
vWA	Todo OK	Todo OK	Todo OK	1 lab	
	8	9	11		
TPOX	Todo OK	Todo OK	Todo OK		
	14(omiten)	15	17	NC	
D18S51	3 labs	Todo OK	Todo OK	1 lab	
	10 (añade)	11	12(omiten)		
D5S818	1 lab	Todo OK	1 lab		



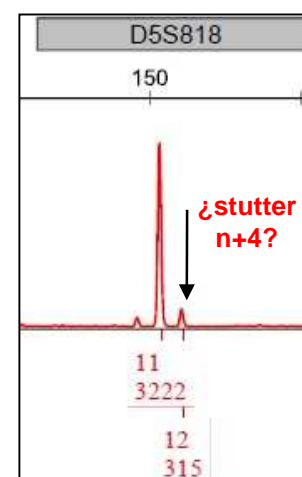
Stutter por alelo



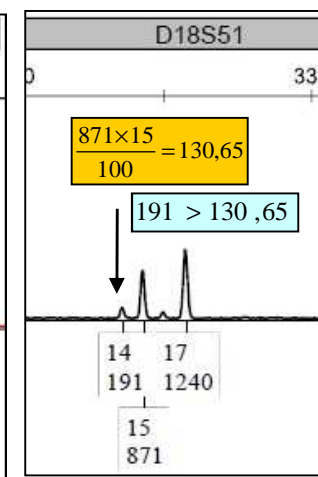
Stutter por alelo



Stutter por alelo



Alelo por Stutter



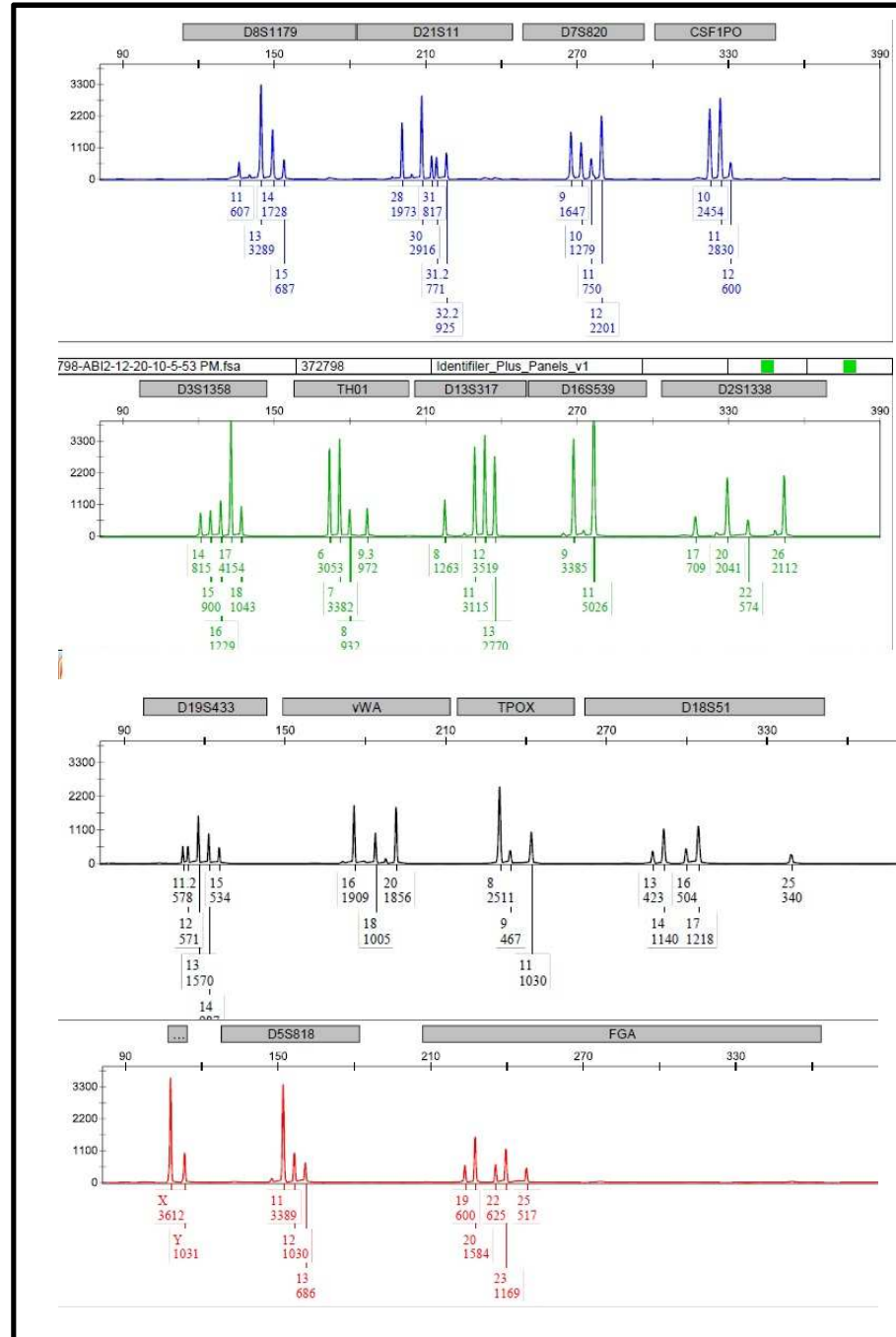
Alelo por Stutter

M2 tres contribuyentes (2:1:1)

	Tejido	Extracción	[ng/μl]	IPC	[1ng en...μl]	2:1:1 (μl)	X5 (μl)
1	Sangre	orgánica	2,21	28,70			
2 (2)	Sangre	orgánica	1,97	28,91	0,507	1,014	5,07
3	Sangre	orgánica	2,08	28,79			
4	Sangre	orgánica	1,25	28,94			
5	Sangre	orgánica	1,21	29,09			
6	Sangre	orgánica	0,466	29,14			
7	Sangre	orgánica	0,809	29,20			
8	Sangre	orgánica	1,23	29,07			
9 (1)	Sangre	orgánica	0,736	29,12	1,358	1,358	6,79
10 (1)	Sangre	orgánica	1,47	29,07	0,6802	0,6802	3,401

[ng/μl] teorica	[ng/μl] real	IPC	1 ng en...μl
1,31	2,21	29,52	0,45

AmpFℓSTR® Identifiler™																																
	D8S1179		D21S11		D7S820		CSF1PO		D3S1358		TH01		D13S317		D16S539		D2S1338		D19S433		vWA		TPOX		D18S51		Amel		D5S818		FGA	
2	13	14	28	30	9	12	10	11	17	6	7	11	13	9	11	20	26	13	14	16	20	8	11	14	17	X	X	11		20	23	
9	13	15	31	31.2	11	12	10	11	15	18	8	9.3	12		9	11	17	20	12	13	16	20	8	9	17	25	X	Y	11	12	20	22
10	11	13	30	32.2	10		11	12	14	16	6	7	8	12	11		22	26	11.2	15	18		8		13	16	X	Y	12	13	19	25



	2	9	10	M2 (2+9+10)
				2:1:1
D8S1179	13-14	13-15	11-13	11-13-14-15
D21S11	28-30	31-31.2	30-32.2	28-30-31-31.2-32.2
D7S820	9-12	11-12	10	9-10-11-12
CSF1PO	10-11	10-11	11-12	10-11-12
D3S1358	17	15-18	14-16	14-15-16-17-18
TH01	6-7	8-9.3	6-7	6-7-8-9.3
D13S317	11-13	12	8-12	8-11-12-13
D16S539	9-11	9-11	11	9-11
D2S1338	20-26	17-20	22-26	17-20-22-26
D19S433	13-14	12-13	11.2-15	11.2-12-13-14-15
vWA	16-20	16-20	18	16-18-20
TPOX	8-11	8-9	8	8-9-11
D18S51	14-17	17-25	13-16	13-14-16-17-25
Amel	XX	XY	XY	XY
D5S818	11	11-12	12-13	11-12-13
FGA	20-23	20-22	19-25	19-20-22-23-25

Al menos 3 contribuyentes:

- D8S2279
- D21S11
- D31358
- D19S433
- D18S51
- FGA

¿¿¿¿Proporciones de los contribuyentes???

RESULTADOS (Muestra 2): Discrepancias

	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 4	Alelo 5	Alelo 6
	11	13	14	15	12(añaden)	
D8S1179	Todo OK	Todo OK	Todo OK	Todo OK	2labs	
	28	30	31	31.2	32.2	29(añaden)
D21S11	Todo OK	Todo OK	Todo OK	Todo OK	Todo OK	2 labs
	9	10	11	12		
D7S820	Todo OK	Todo OK	Todo OK	Todo OK		
	10	11	12			
CSF1PO	Todo OK	Todo OK	Todo OK			
	14	15	16	17	18	
D3S1358	Todo OK	Todo OK	Todo OK	Todo OK	Todo OK	
	6	7	8	9.3		
TH01	Todo OK	Todo OK	Todo OK	Todo OK		
	8	11	12	13		
D13S317	Todo OK	Todo OK	Todo OK	Todo OK		
	9	11	8(añaden)	10(añaden)		
D16S539	Todo OK	Todo OK	2 labs	2 labs		
	17	20	22	26	19(añade)	25(añade)
D2S1338	Todo OK	Todo OK	Todo OK	Todo OK	2 labs	1lab
	11.2	12	13	14	15	
D19S433	Todo OK	Todo OK	Todo OK	Todo OK	Todo OK	
	16	18	20	19(añade)		
vWA	Todo OK	Todo OK	Todo OK	2 labs		
	8 (omite)	9	11			
TPOX	1 lab	Todo OK	Todo OK			
	13	14	16	17	25	
D18S51	Todo OK	Todo OK	Todo OK	Todo OK	Todo OK	
	10 (añade)	11	12	13		
D5S818	2 labs	Todo OK	Todo OK	Todo OK		
	19	20	22	23	25	
FGA	Todo OK	Todo OK	Todo OK	Todo OK	Todo OK	

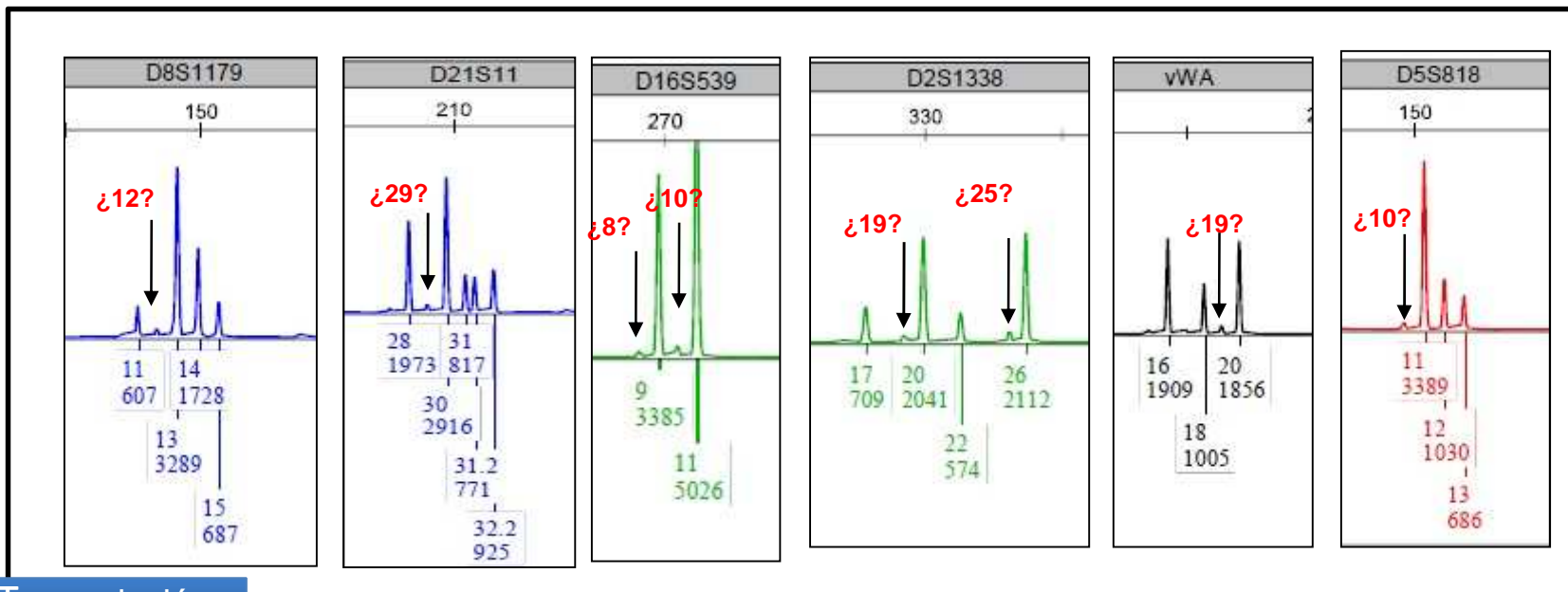
Errores	Labs
9/62 (14,5%)	3/24 (12,5%)



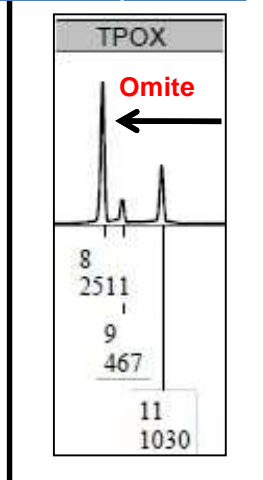
Errores concentrados
8/9 (88,8%)

En 2 labs se concentran el 88,8 % de los errores

Stutter por alelo



Transcripción



Desaparecen errores del tipo:

- “Alelos por stutter
- “Artefactos por alelos”
- “Alelos por artefactos”

IMPORTANCIA DE CONOCER LA PROPORCIÓN DE LAS “STUTTERS” DE NUESTROS SISTEMAS

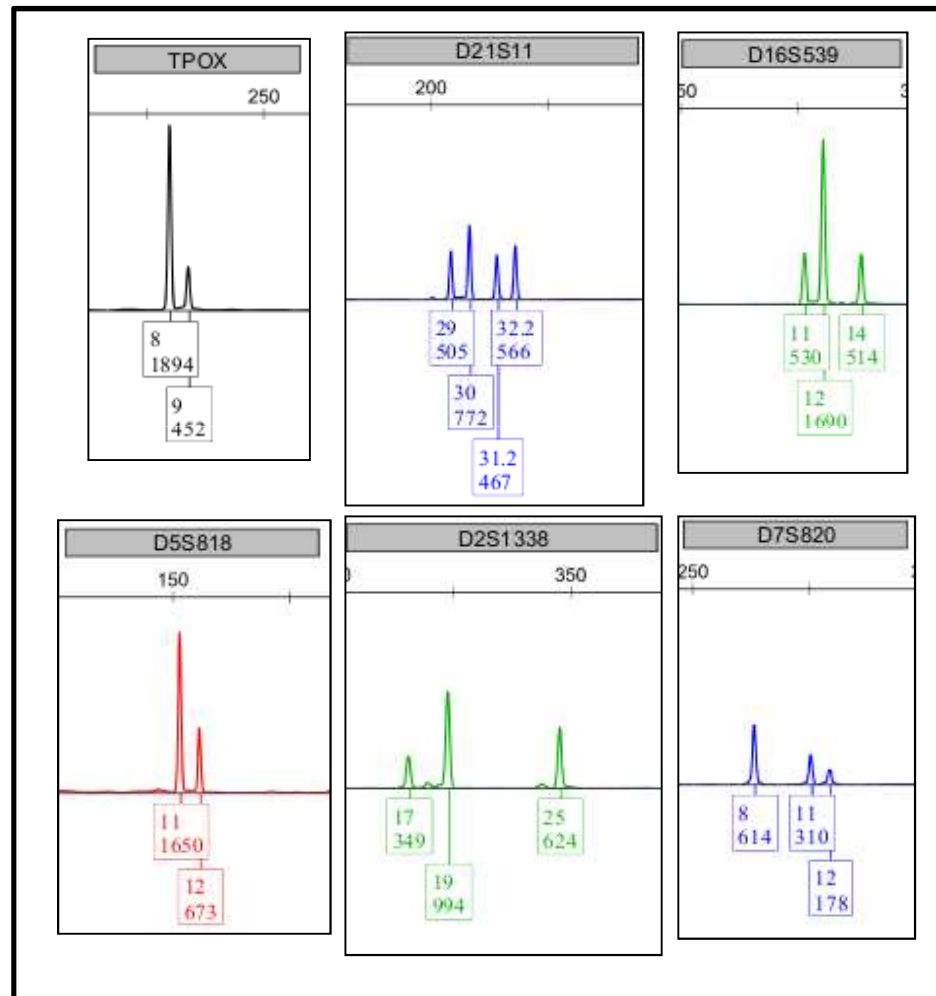
Alelo por stutter	52 (20 %)
<i>Stutter</i> por alelo	88 (34 %)
Artefacto por alelo	3 (1 %)
Alelo por artefacto	115 (44 %)
Transcripción	2 (1 %)
Total errores 260	



Alelo por stutter	2 (12,5%)
<i>Stutter</i> por alelo	12 (75%)
Artefacto por alelo	0
Alelo por artefacto	0
Transcripción	2 (12,5 %)
Total errores 16	



RESULTADOS (Supuesto 1): Estadística



	Sospechoso
D21S11	29-31.2
D7S820	8-12
D16S539	11-14
D2S1338	17-19
TPOX	8-9
D5S818	11

Hipótesis a utilizar:

Hp: El sospechoso y otra persona desconocida aportan el material genético de la muestra.

Hd: Dos individuos desconocidos no relacionados aportan el material genético de la muestra.

+ Tabla de frecuencias única

RESULTADOS (Supuesto 1): Estadística

Resultados consensuados

Weir et al., J Forensic Sci.1997; 42(2):213-222

	LR parcial	Sospechoso	Mezcla	H_0/H_1
D21S11	3,51	29-31.2	29-30-31.2-32.2	$1/12 f_{29} f_{31.2}$
D7S820	4,85	8-12	8-11-12	$f_{11}+2f_8+2f_{12}/12f_8f_{12}(f_{11}+f_8+f_{12})$
D16S539	15,49	11-14	11-12-14	$f_{12}+2f_{11}+2f_{14}/12f_{11}f_{14}(f_{12}+f_{11}+f_{14})$
D2S1338	4,93	17-19	17-19-25	$f_{25}+2f_{17}+2f_{19}/12f_{17}f_{19}(f_{25}+f_{17}+f_{19})$
TPOX	4,87	8-9	8-9	$(f_8+f_9)^2 / 2f_8f_9 (2f_8^2+3f_8f_9+2f_9^2)$
D5S818	1,71	11	11-12	$2f_{11}+f_{12}/2f_{11}(2f_{11}^2+3f_{11}f_{12}+2f_{12}^2)$
LR total	10826			

Resultados correctos 18

Resultados parciales 2

Resultados discrepantes 3

	LR_{labA}	LR_{labB}	LR_{labC}
D21S11	3,4	1,505	72,62066
D7S820	4,6	0,732	28,81882
D16S539	11,7	2,973	52,24943
D2S1338	4,5	3,506	77,13058
TPOX	4,6	10,266	12,92067
D5S818	1,6	2,68	4,14933

¿Otras frecuencias?

¿Empleo de otras fórmulas?

RESULTADOS (Supuesto 2): Estadística

Hipótesis a utilizar:

Hp: El sospechoso y la víctima aportan el material genético de la muestra.

Hd: La víctima y un individuo desconocido no relacionado aportan el material genético de la muestra.

Resultados consensuados

	LR parcial	Sospechoso	Víctima	Mezcla	H_0/H_1
D21S11	21,0346	29-31.2	30-32.2	29-30-31.2-32.2	$1/2 f_{29}f_{31.2}$
D7S820	6,905	8-12	8-11	8-11-12	$1/f_{12}(f_{12}+2f_8+2f_{11})$
D16S539	61,5979	11-14	12	11-12-14	$1/2f_{11}f_{14}$
D2S1338	5,4593	17-19	19-25	17-19-25	$1/f_{17}(f_{17}+2f_{19}+2f_{25})$
TPOX	8,1433	8-9	8	8-9	$1/f_9(f_9+2f_8)$
D5S818	1,9014	11	11-12	11-12	$1/(f_{11}+f_{12})^2$
LR total	756287,669				

**Weir et al,
1997**

Resultados correctos 17

Resultados parciales 3

Resultados discrepantes 3

	LR_{labA}	LR_{labB}	LR_{labC}
D21S11	20,1	9,03	6,02063
D7S820	6,5	4,4	4,65284
D16S539	47,6	17,836	17,88
D2S1338	5,1	21,034	4,71616
TPOX	7,6	61,6	4,8635
D5S818	1,8	16,08	1,90145

¿Empleo de otras fórmulas?

¿Otras frecuencias?

Conclusiones

1º Elevado consenso en asignación de perfiles con proporciones 1:5. Contrasta con la alta dispersión de datos del ejercicio del año anterior (Muestras 1:10).

Al parecer, **en mezclas de proporción 1:5 o inferior**, es posible la emisión de resultados bastantes consensuados.

2º Alto consenso en la valoración estadística de las mezclas ante el planteamiento de diversas hipótesis (Weir et al., J Forensic Sci.1997; 42(2):213-222).

¿Es un problema plantear las hipótesis adecuadas?

3º Escasa validación del método de interpretación de mezclas por parte de los laboratorios. Consideramos que resulta fundamental conocer parámetros críticos como *balanceo de heterocigotos, porcentaje de stutters, nivel de detección, umbral de sensibilidad.*

4º Posibilidad de establecer una guía sencilla y práctica que permita marcar un límite “seguro” en la interpretación de mezclas.



Resumen I Workshop mezclas Barcelona (8 de julio de 2011)



ASISTENCIA:

Representantes de 17 labs (35 personas)

1º OBJETIVOS:

- **Debatir el control 2011 y anteriores.**
- **Generar un foro abierto de intercambio de ideas y opiniones sobre el análisis de perfiles mezcla.**

2º PRESENTACIONES:

- **Validación método de análisis de perfiles mezcla (aut) INTCF Barcelona**
- **Estrategias de análisis de perfiles mezclas (distintos labs)**
 - ✓INTCF Madrid
 - ✓INTCF Sevilla
 - ✓Guardia Civil
 - ✓Cuerpo Nacional de Policia
 - ✓Mossos d'Esquadra
- **Criterios de aceptación de perfiles mezclas (INTCF Barcelona)**
- **Propuesta de una nomenclatura para la expresión de perfiles mezcla (INTCF Barcelona)**

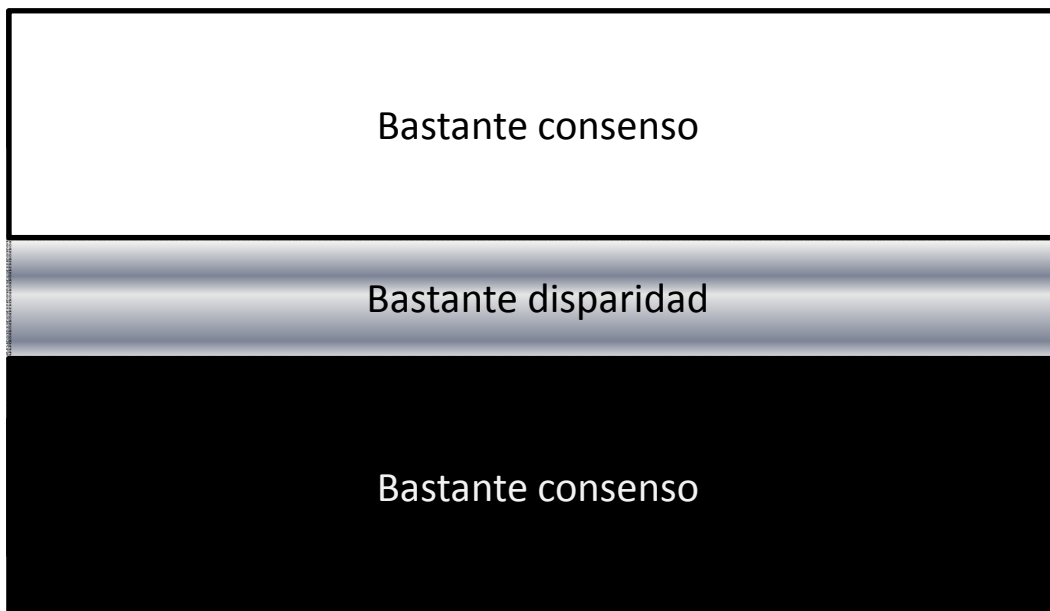
3º CONCLUSIONES

“Buenos perfiles”

- Balanceo de picos
- No componentes LLDNA
- Mezclas >1:5 (ie: 1:3, 1:2...)



“Malos perfiles”



IMPORTANCIA:

Ante un mismo perfil de la “zona gris” Distintas interpretaciones con distinta repercusión judicial, dependiendo del laboratorio (e incluso del perito que interprete)

OBJETIVO:

Trabajar para intentar, en la medida de lo posible, reducir o estrechar la “Zona Gris”



**GRUPO DE LINGUAS ESPANHOLA E
PORTUGUESA DA ISFG**