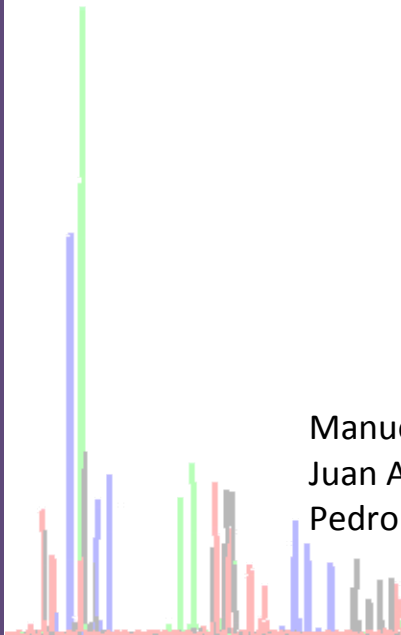


GHEP-ISFG

## GHEPMIX6. INFORME DE RESULTADOS

Manuel Crespillo  
Juan Antonio Luque  
Pedro A. Barrio

[manuel.crespillo@justicia.es](mailto:manuel.crespillo@justicia.es)  
[juan.luque@justicia.es](mailto:juan.luque@justicia.es)  
[pedro.barrio@justicia.es](mailto:pedro.barrio@justicia.es)



**Informe de Resultados**

**Ejercicio Colaborativo  
GHEPMIX6 (2015)**

**Interpretación de mezclas de perfiles STRs autosómicos**

**Preámbulo**

Con el presente informe se presentan los resultados obtenidos para el ejercicio colaborativo **GHEPMIX6 (2015)**. Básicamente se recogen los resultados descriptivos de los laboratorios participantes, en relación a los “Aspectos Generales” de los mismos, así como de los “Aspectos Técnicos” y “Aspectos Estadísticos” que aplican para la evaluación de los perfiles mezclas que afrontan en su práctica habitual.

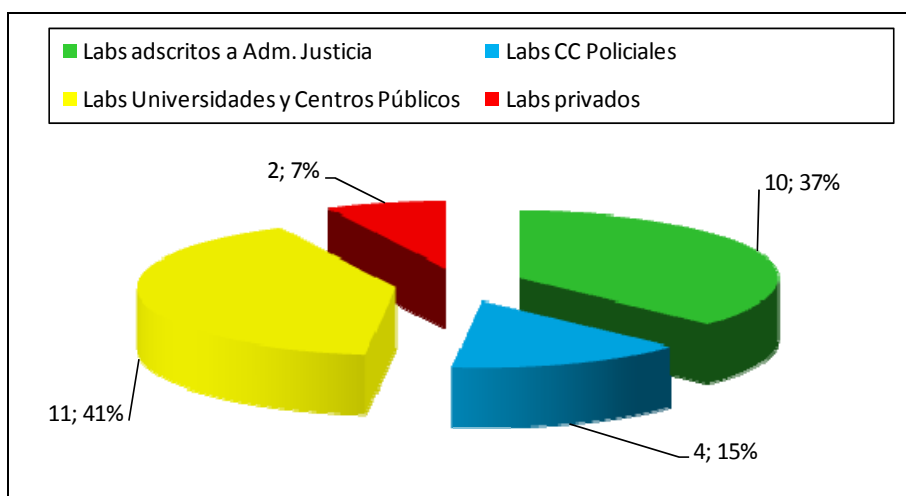
Además, se presentarán los resultados obtenidos de una primera valoración conjunta de los informes remitidos por cada laboratorio.

**Participantes**

En la siguiente tabla, se muestran los laboratorios que inicialmente se inscribieron en el ejercicio, y los que finalmente enviaron resultados.

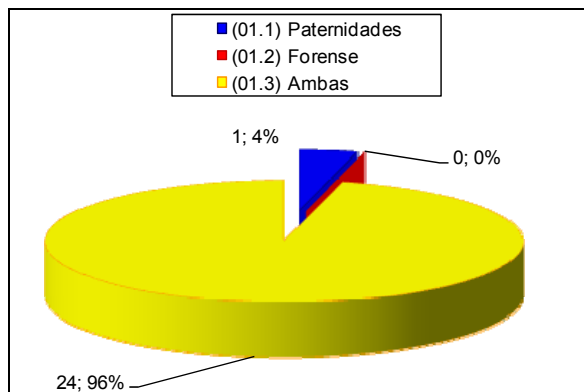
Laboratorios	N
Solicitantes	27
Participantes	25 (93 %)

La gráfica representa el tipo de laboratorios que participaron en el ejercicio.



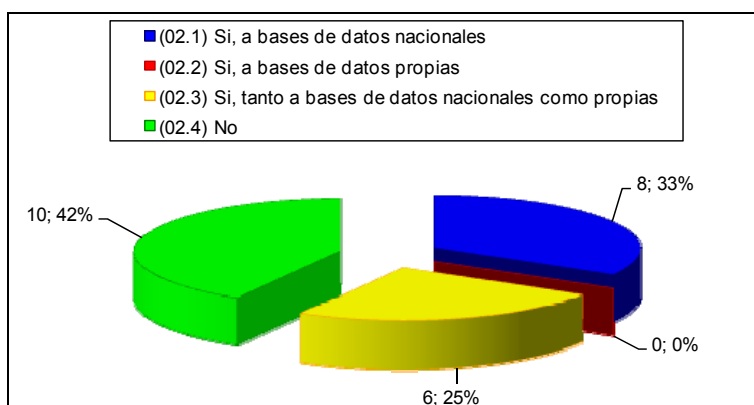
**Aspectos Generales**

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



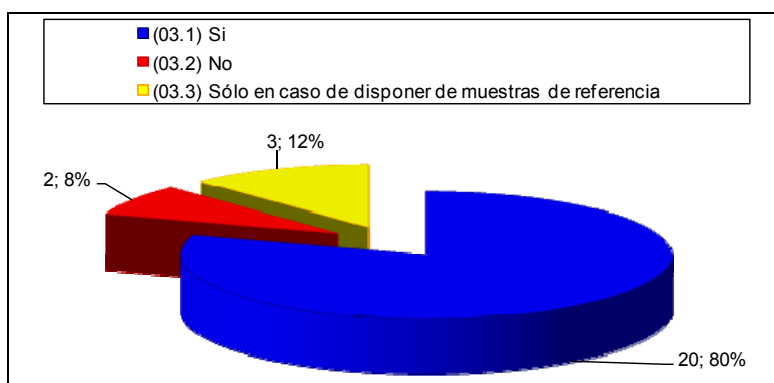
La casuística de casi la totalidad de los laboratorios participantes se centra tanto en el análisis de paternidades como de casos forenses.

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



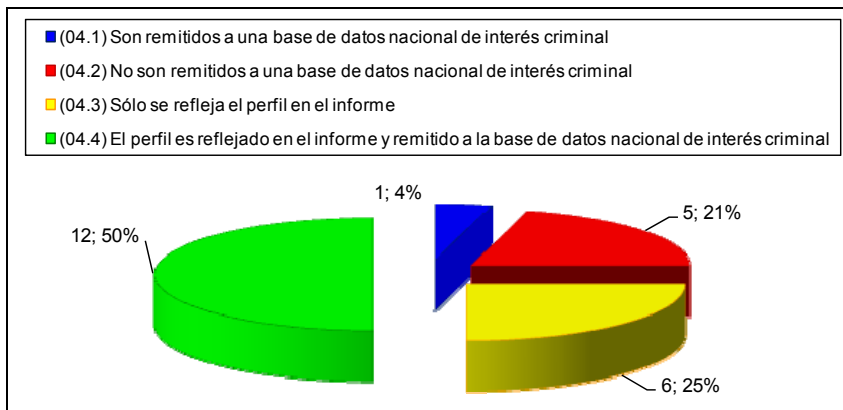
Más de un tercio de los laboratorios no remite perfiles a bases de datos criminales y más de la mitad lo hace preferentemente a bases de datos nacionales (33% + 25%).

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



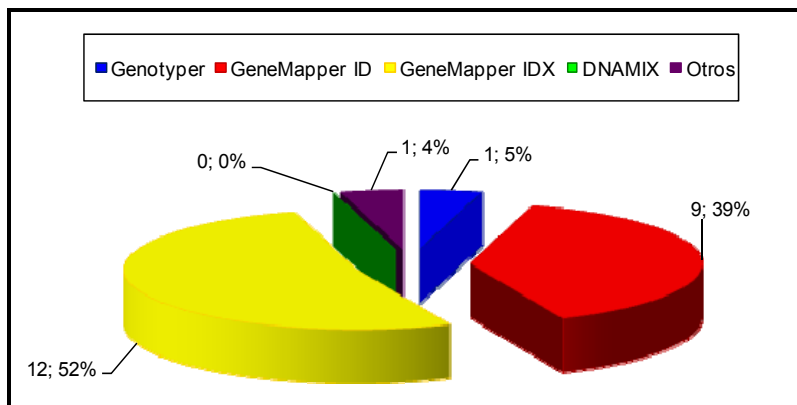
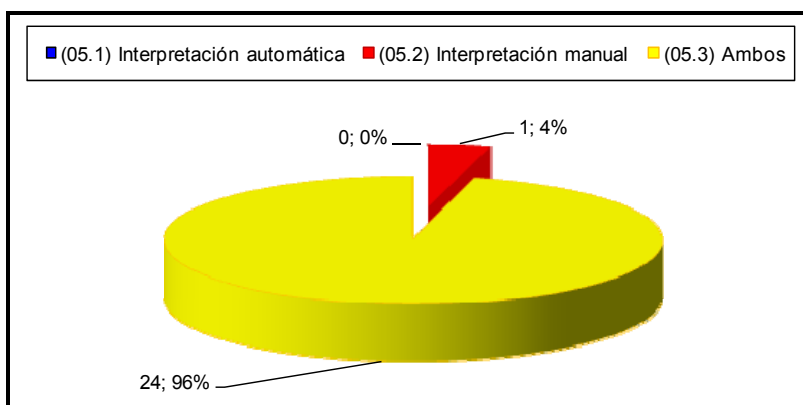
Destaca que más de dos tercios de los laboratorios emiten resultados de perfiles mezcla de marcadores autosómicos aunque no dispongan de muestras de referencia.

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

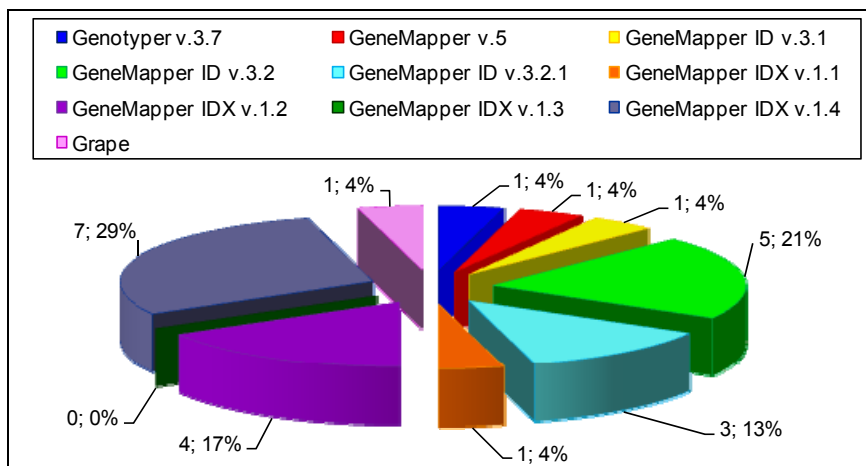


En el caso de obtener un perfil mezcla, la mitad del total de los laboratorios encuestados lo remiten a la BD nacional de interés criminal y/o lo reflejan en el informe pericial. Del resto, la mayoría o sólo lo reflejan en el informe o bien no lo remiten a la BD nacional de interés criminal.

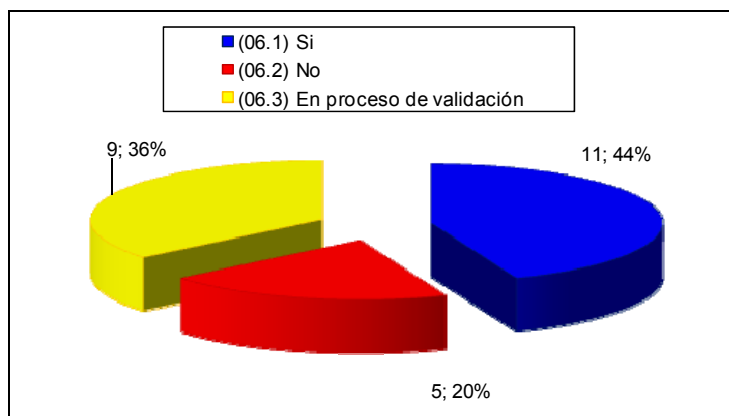
**5.- Cuando interpreta perfiles mezclados, la asignación alélica de los componentes de la mezcla la realiza mediante (especificar software):**



La práctica totalidad de los laboratorios asignan los alelos de una mezcla de una forma tanto manual como automática (96%), usando preferentemente los softwares de **GeneMapper** (ID 39% + IDX 52%) en sus diferentes versiones, fundamentalmente en sus últimas versiones.



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



La validación de los criterios para la interpretación de perfiles mezcla se ha llevado a cabo en casi la mitad de los laboratorios y, en más de una tercera parte de los mismos se encuentran en proceso de validación.

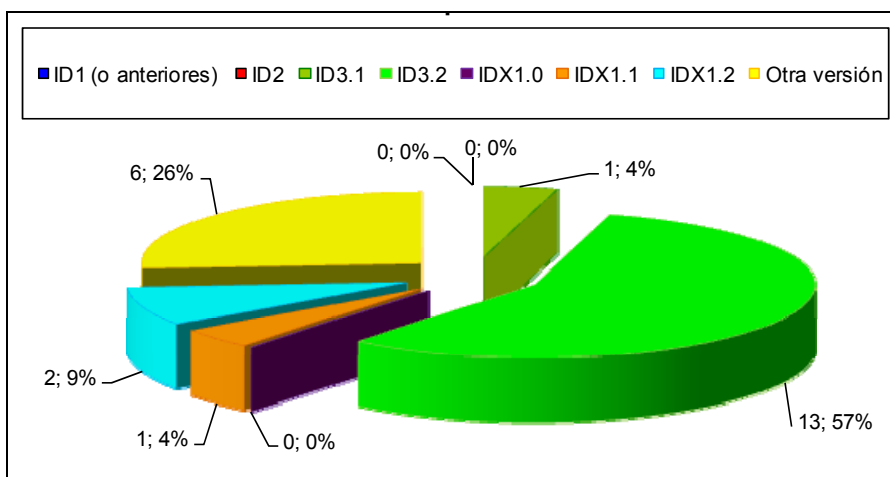
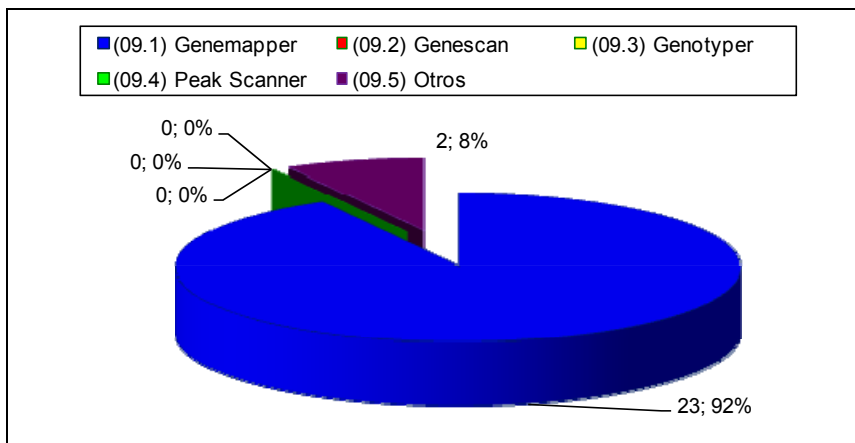
**7.- Enumere los kits comerciales que emplea su laboratorio en la casuística habitual, así como en los casos específicos en los que se detectan perfiles mezcla, en caso de emplear una sistemática diferente:**

Para la casuística habitual se recogen, entre otros: Identifier Plus, distintos kits de Powerplex (ESI16, 16HS, ESI17, ESX17, ESI Fast17, ESX Fast17, 21, Fusion 6C, Y23), Y-Filer, Y-Filer Plus, Minifiler, NGM Select, GlobalFiler, Identifier Direct, ArgusX-12, X-Decaplex, FFFL.

Para casos específicos de mezclas se recogen, entre otros: Identifier Plus, distintos kits de Powerplex (ESI16, 16HS, ESX17, ESI Fast17, ESX Fast17, 21, Fusion 6C, Y23), GlobalFiler, Y-Filer, Y-Filer Plus, Minifiler, NGM Select, X-Decaplex.

**B1.1. Aspectos técnicos**

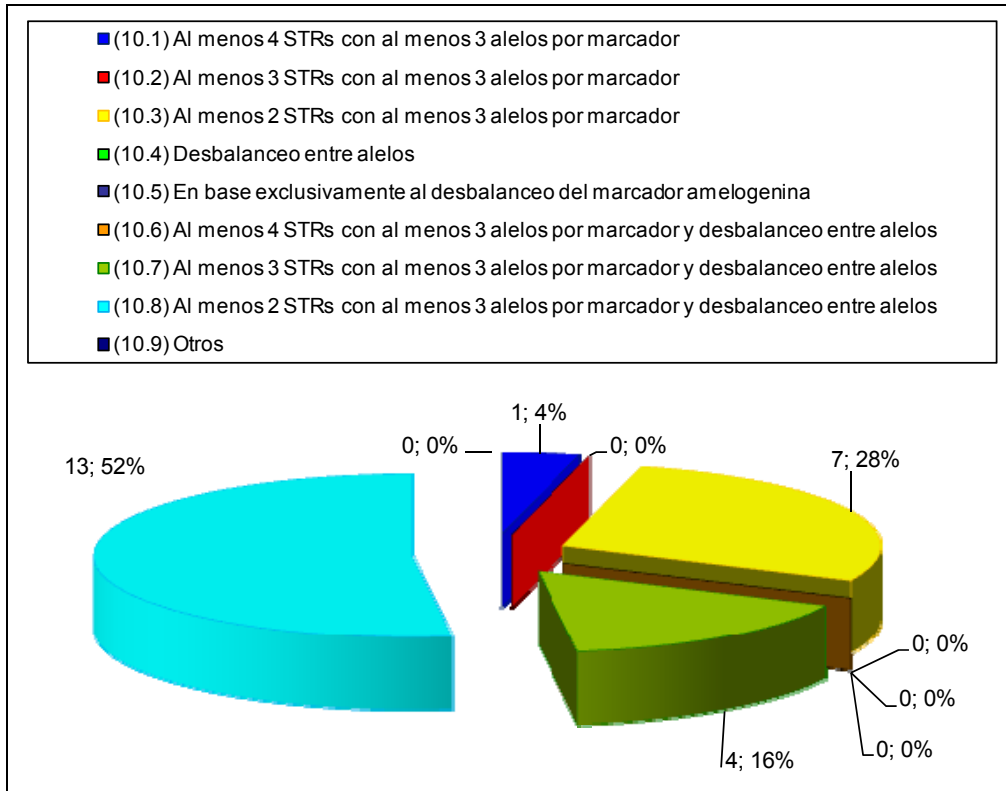
**9.- ¿Qué programa de edición ha utilizado?**



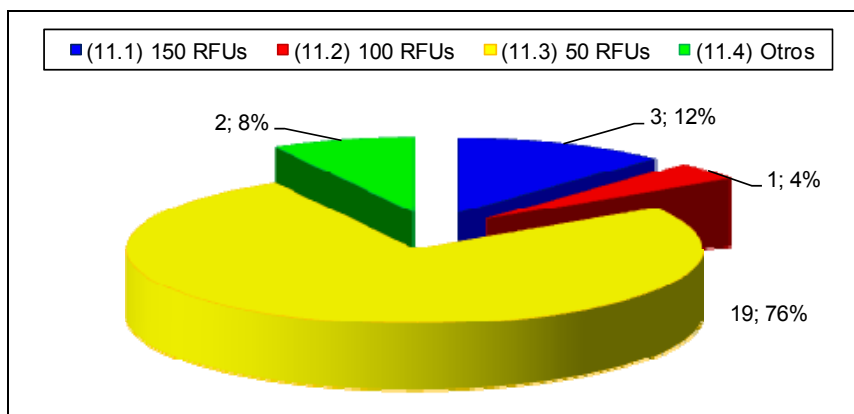
Casi la totalidad de los laboratorios han usado el **GeneMapper** como programa de edición, siendo la versión **ID3.2** la más utilizada, seguida de **IDX1.4** (que representa casi la totalidad de "Otras versiones") o distintas versiones de **IDX**, como ya se ha visto anteriormente.

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

Más de la mitad de los laboratorios considera como criterio para definir un perfil mezcla la presencia de "al menos 2 STRs con al menos 3 alelos por marcador y desbalanceo entre alelos" (52%), o "al menos 3 STRs..." (16%). Mientras que poco más de una cuarta parte de los laboratorios (28%), sólo considera "al menos 2 STRs con al menos 3 alelos por marcador", o "al menos 4 STRs..." (4%).



**11.- En el presente ejercicio los alelos han sido asignados cuando el pico supera los:**



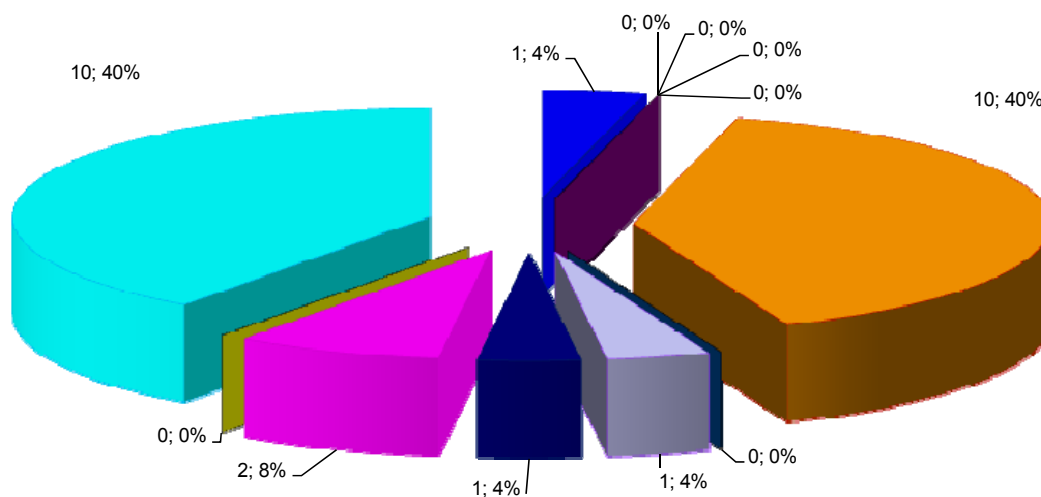
A la hora de asignar un pico como alelo, poco más de tres cuartas partes de los laboratorios (76%) tienen en cuenta que el pico supere los **50 RFUs**.

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

Respecto a la asignación de las posiciones “stutter” (n-4) como posibles alelos, para una amplia mayoría de los laboratorios (88%), esta **asignación** es **variable dependiendo del marcador STR**. De forma conjunta, de estos, el 40% del total de los laboratorios, dichas posiciones “stutter” **además** deben **superar** siempre los **50 RFUs**, y para el 8% deben **superar** siempre los **150 RFUs**.

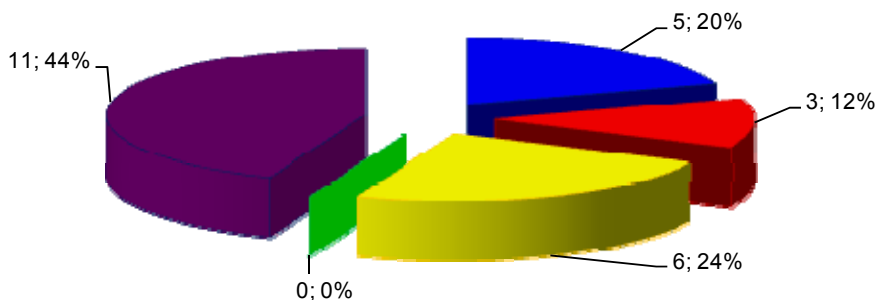
De forma residual, existen 3 laboratorios (12% en total) que asignan como posiciones “stutter” aquellas que superan el 15% del alelo principal y siempre que superen los 50, 100 o 150 RFUs, respectivamente.

- (12.1) Todas
- (12.2) Sólo las que superan el 15 % del alelo principal
- (12.3) Ninguna que no supere 150 RFUs
- (12.4) Ninguna que no supere 100 RFUs
- (12.5) Ninguna que no supere 50 RFUs
- (12.6) La asignación ha sido variable dependiendo del marcador STRs del que se trate
- (12.7) Sólo las que superan el 15 % del alelo principal y siempre que superen los 150 RFUs
- (12.8) Sólo las que superan el 15 % del alelo principal y siempre que superen los 100 RFUs
- (12.9) Sólo las que superan el 15 % del alelo principal y siempre que superen los 50 RFUs
- (12.10) La asignación ha sido variable dependiendo del marcador STRs del que se trate, y siempre que superen los 150 RFUs
- (12.11) La asignación ha sido variable dependiendo del marcador STRs del que se trate, y siempre que superen los 100 RFUs
- (12.12) La asignación ha sido variable dependiendo del marcador STRs del que se trate, y siempre que superen los 50 RFUs

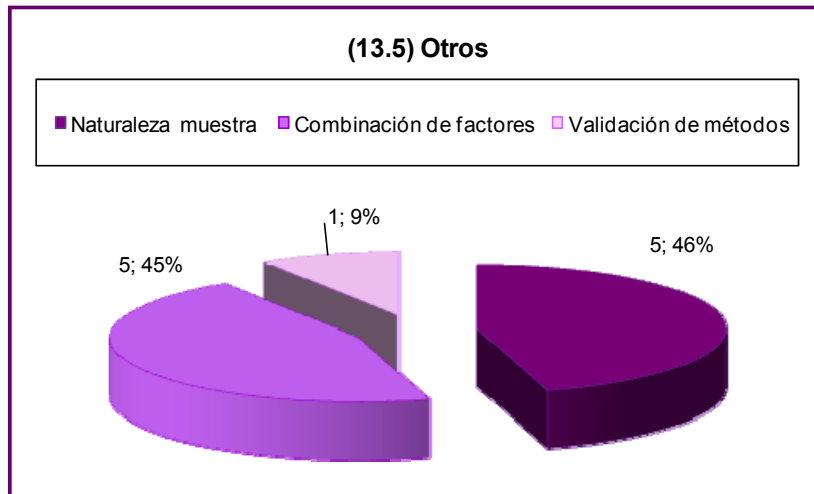


**13.- ¿Cuál/es son los principales obstáculos en su laboratorio a la hora de interpretar mezclas?**

- (13.1) Falta de un criterio único dentro del laboratorio
- (13.2) Falta de formación
- (13.3) Falta de un criterio único dentro del laboratorio y falta de formación
- (13.4) No hay obstaculos
- (13.5) Otros

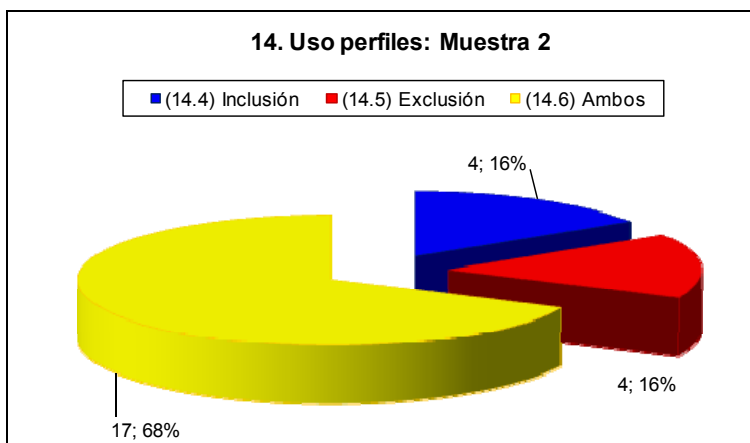
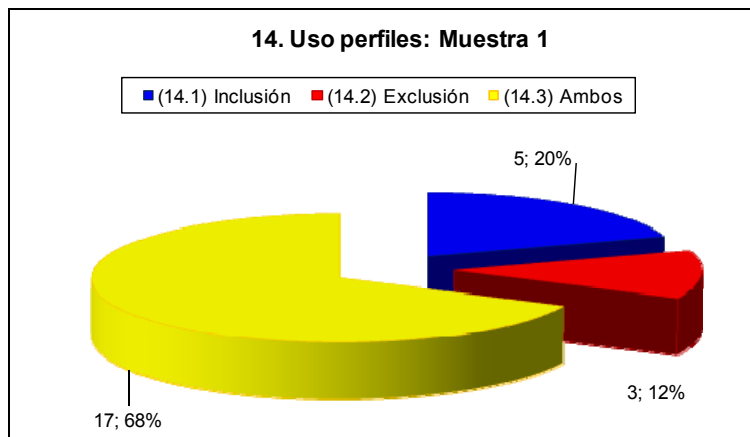


Dentro de los problemas en la interpretación de perfiles mezcla mencionados por los laboratorios, destacan de forma conjunta la falta de formación así como la falta de un criterio único dentro del propio laboratorio (21%). La categoría de “otros” es la más ampliamente escogida por los laboratorios participante (44%), de los que casi la mitad se refiere a la naturaleza de la muestra, y la otra mitad a combinación de factores, y tan sólo un laboratorio indican la falta de validación de los métodos aplicados (9%).



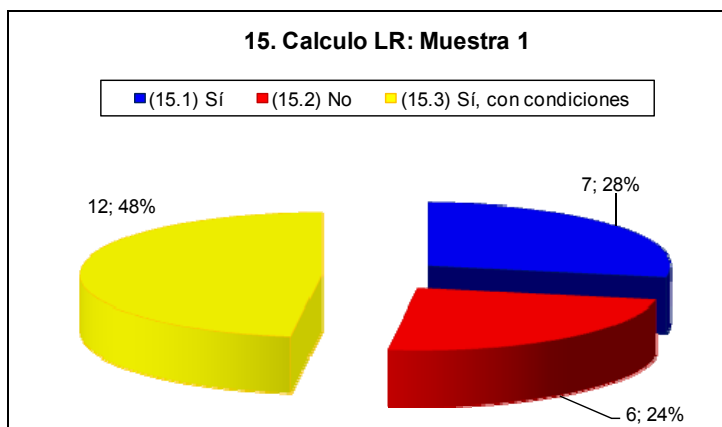
## B1.2. Aspectos estadísticos

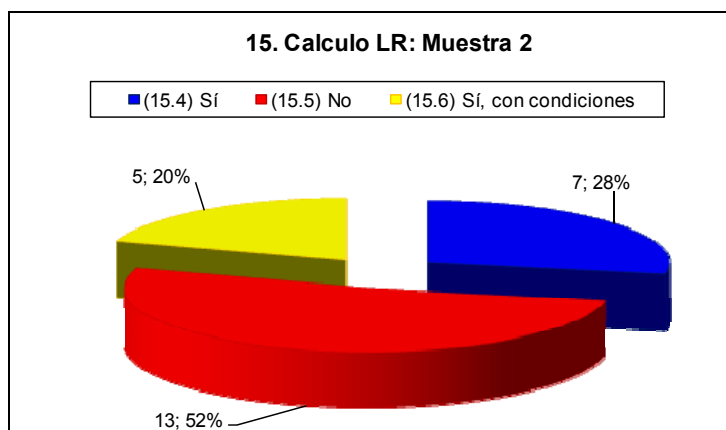
### 14.- ¿Emplearía los perfiles analizados en el presente ejercicio para?



Una gran mayoría de los laboratorios encuestados (68%), utilizaría el perfil mezcla analizado en el presente ejercicio tanto para inclusión como para exclusión de un/os posible/s sospechoso/s, tanto en el caso de la mezcla de marcadores autosómicos (Muestra 1) como en el caso de la mezcla de cromosoma Y (Muestra 2).

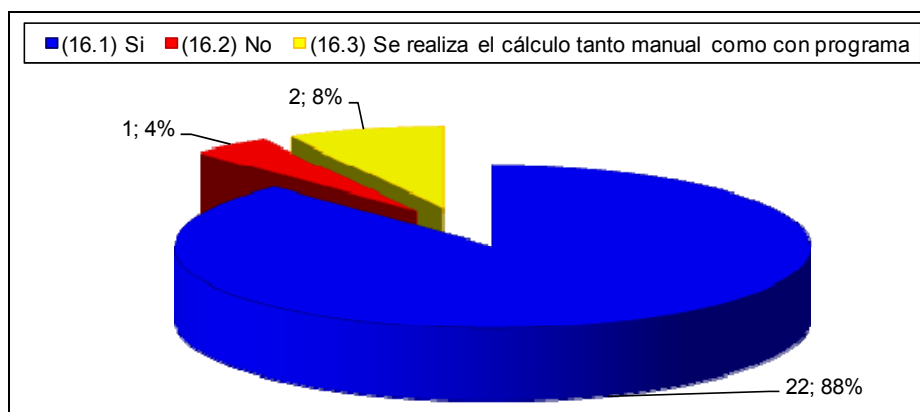
### 15.- ¿A la vista del perfil obtenido realizaría el cálculo del LR correspondiente?



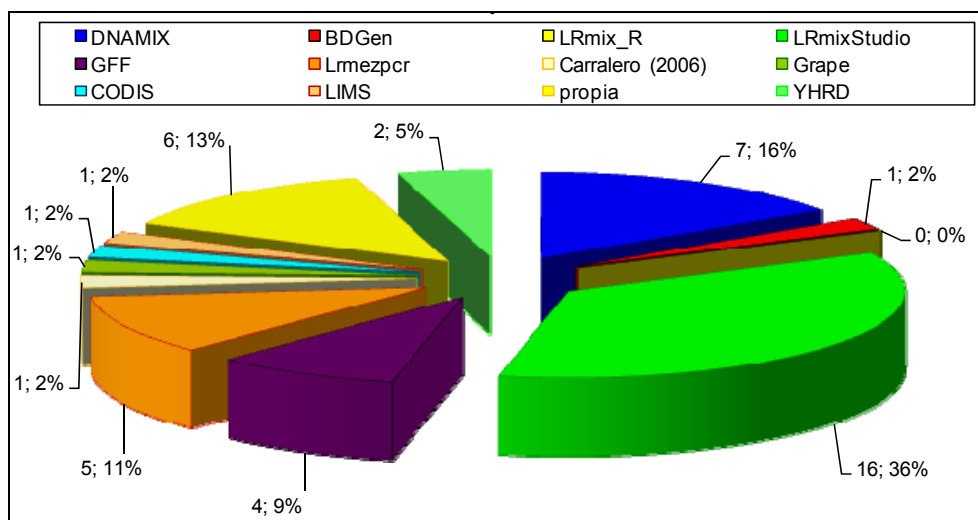


Y además, casi la mitad de los participantes sólo utilizarían la mezcla de autosómicos (Muestra 1) para el cálculo del LR con condiciones (teniendo en cuenta las probabilidades de *drop-out* y *drop-in*). En el caso de perfiles mezcla de cromosoma Y (Muestra 2), poco más de la mitad de los laboratorios no la utilizarían para el cálculo del LR.

**16.- ¿Usa algún programa para el cálculo del LR?**



Más de tres cuartas partes de los laboratorios (88%) sólo utilizan un programa para el cálculo del LR. A continuación se representan la variedad de programas empleados por los laboratorios participantes que realizan el cálculo tanto manual como con programa y los que lo realizan únicamente con un programa (96%). Destaca el creciente aumento del uso del **LRmix**, en sus dos versiones, en **R** (13%) y en **Java**, **LRmixStudio** (36%).

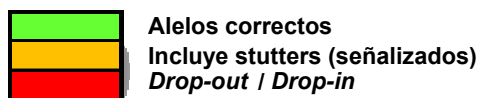


**B1.3. Resultados**

**17.- Valoración de Constituyentes de la mezcla**

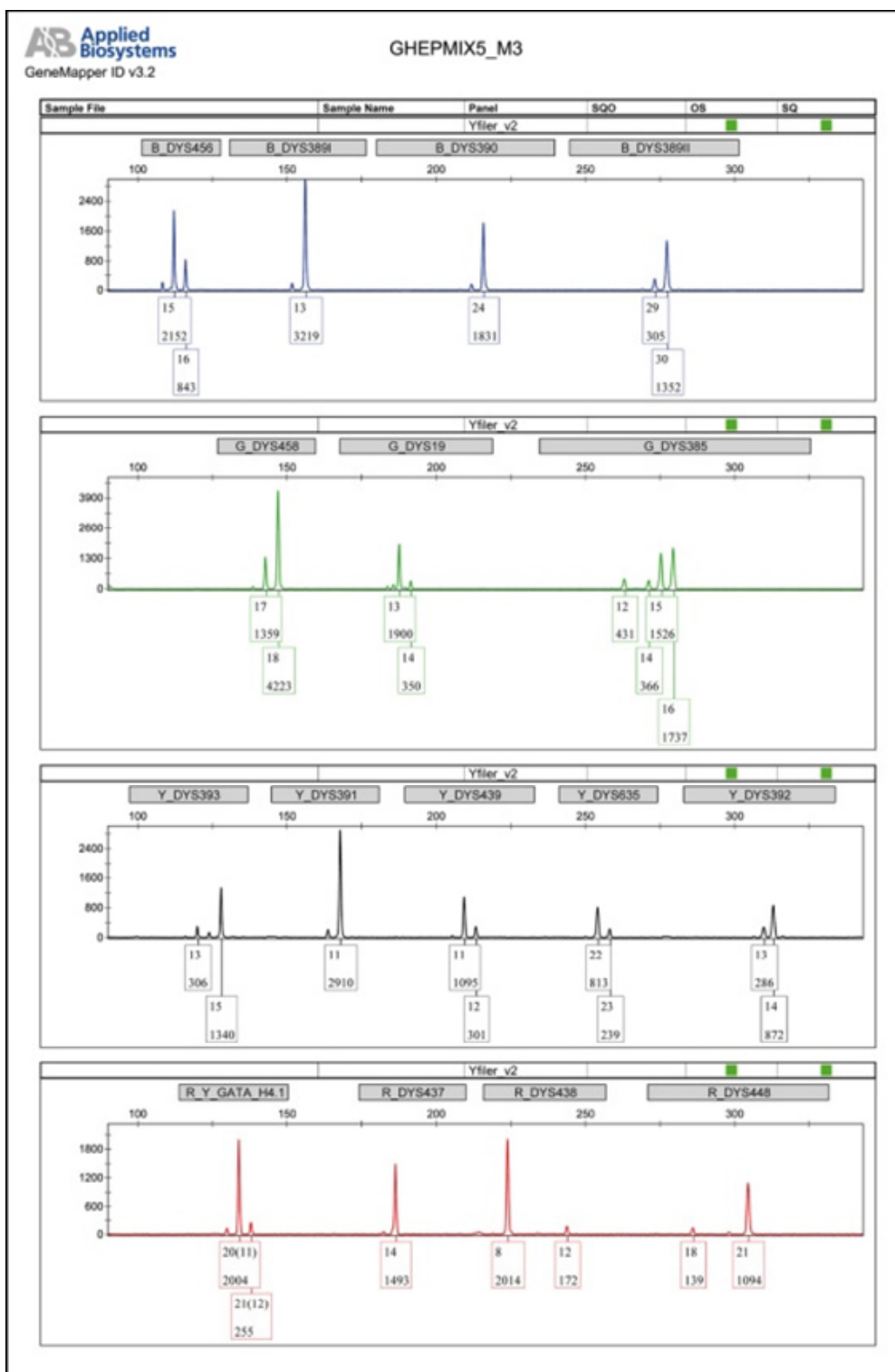


nº lab	D10S1248	vWA	D16S539	D2S1338	AMEL	D8S1179	D21S11	D18S51	D22S1045	D19S433	TH01	FGA	D2S441	D3S1358	D1S1656	D12S391
GM2015.01																
GM2015.02																
GM2015.03																
GM2015.05																
GM2015.06																
GM2015.07																
GM2015.08																
GM2015.09																
GM2015.10																
GM2015.11																
GM2015.12																
GM2015.13																
GM2015.14																
GM2015.15																
GM2015.16																
GM2015.17																
GM2015.18																
GM2015.19																
GM2015.20																
GM2015.21																
GM2015.22																
GM2015.23																
GM2015.24																
GM2015.26																
GM2015.27																



Con respecto a la mezcla de marcadores autosómicos, los marcadores más problemáticos son: **D8S1179**, donde el 54% de los laboratorios reportan el alelo 14, que realmente se trata de un *drop-in*; **D21S11**, donde el 100% de los laboratorios no reporta el alelo 32.2 (*drop-out*); **D2S441**, donde el 48% de los laboratorios no reporta el alelo 11.3 (*drop-out*); **D1S1656**, donde el 92% de los laboratorios no reporta el alelo 16.3 (*drop-out*); y el marcador **D12S391**, donde el 80% de los laboratorios no reporta el alelo 19.3 (*drop-out*).

Con respecto a la mezcla de marcadores de cromosoma Y:



DYS456	DYS389I	DYS390	DYS389II	DYS458	DYS19	DYS385	DYS393	DYS391	DYS439	DYS635	DYS392	GATAH4.1(H4)	DYS437	DYS438	DYS448	n	%	17. Comentarios M1
15-16	13	24	29-30	17-18	13-14	12-14-15-16	13-15	11	11-12	22-23	13-14	20-21	14	8-12	18-21	12	48%	
15-16	13	24	29-30	17-18	13-14	12-14-15-16	13-15	11	11-12	22-23	13-14	20(11)-21(12)	14	8-12	18-21	2	8%	
15-16	13	24	29-30	17-18	13-14	12-14-15-16	13-15	11	11-12	22-23	13-14	11-12	14	8-12	18-21	7	28%	
15-16	13	24	29-30	17-18	13-14	12-14-15-16	13-15	11	11-12	22-23	13-14	20-21	14	8-12	18*-21	1	4%	(*) allele leggermente al di sotto della soglia stocastica
15-16'	13	24	29'-30	17'-18	13-14'	12'-14'-15-16	13'-15	11	11-12'	22-23'	13'-14	20-21'	14	8-12'	18'-21	1	4%	(') allelos del perfil mayoritario
15-m16	13	24	30-m29	18-m17	13-m14	15-16-m12-m14	15-m13	11	11-m12	22-m23	14-m13	20-m21	14	8-m12	21-m18	1	4%	(m) componente minoritario
15-[16]	13	24	[29]-30	[17]-18	13-[14]	[12]-[14]-15-16	[13]-15	11	11-[12]	22-[23]	[13]-14	20-[21]	14	8-[12]	[18]-21	1	4%	[ ] alelos detectados a menor intensidad
																25	100%	

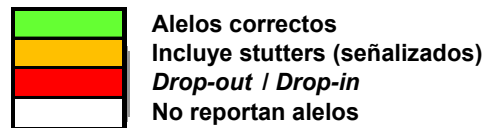
Existe un gran consenso entre los laboratorios a la hora de realizar la asignación alélica. Las grandes discrepancias radican fundamentalmente en la nomenclatura de los alelos. Así, algunos laboratorios destacan de alguna forma (con alguna simbología específica) aquellos alelos que se encuentran en mayor o menor proporción. Igualmente destaca, para el caso del marcador GATAH4.1(H4), cómo la mayoría prefiere la nomenclatura del fragmento largo como GATAH4, aunque algunos (8%) reportan ambas nomenclaturas, y sólo el 28% (7 laboratorios), prefieren la del GATAH4.1.

### 18.- Perfil en INFORME pericial / Base de Datos

Teniendo en cuenta los antecedentes del caso, se solicitó a los laboratorios participantes que especificasen el perfil que incluirían en un **Informe Pericial** (y que debería de aparecer en el informe que emitiesen) o, si la autoridad judicial lo solicitase, el perfil que introducirían en una **Base de Datos Criminal**, según los criterios establecidos en su laboratorio.

Así, con respecto al perfil mezcla de marcadores autosómicos, el aspecto es muy similar al reportado en la tabla de la pregunta 17, con la gran diferencia que, en este caso, teniendo en cuenta la premisa de que el perfil obtenido debería ser incluido en un Informe Pericial o introducido en una Base de Datos, 3 laboratorios optaron por no reportar dicho perfil mezcla. Así mismo, 2 laboratorios tomaron la decisión de no reportar algunos de los marcadores más conflictivos. De hecho, uno de esos laboratorios que optó por no reportar hasta 3 marcadores (D8S1179, D21S11 y D1S1656), en el resto de marcadores, no cometió ningún tipo de error, y reportaron el perfil correcto. Ninguno del resto de laboratorios que reportan el perfil mezcla lo hacen íntegramente de forma correcta.

n° lab	D10S1248	VWA	D16S539	D2S1338	AMEL	D8S1179	D21S11	D18S51	D22S1045	D19S433	TH01	FGA	D2S441	D3S1358	D1S1656	D12S391
GM2015.01																
GM2015.02																
GM2015.03																
GM2015.05																
GM2015.06																
GM2015.07																
GM2015.08																
GM2015.09																
GM2015.10																
GM2015.11																
GM2015.12																
GM2015.13																
GM2015.14																
GM2015.15																
GM2015.16																
GM2015.17																
GM2015.18																
GM2015.19																
GM2015.20																
GM2015.21																
GM2015.22																
GM2015.23																
GM2015.24																
GM2015.26																
GM2015.27																



Con respecto al perfil mezcla de marcadores de cromosoma Y, de nuevo, el aspecto es muy similar al de la pregunta 17, con diferencias características de nomenclatura, en algunos casos, destacando aquellos alelos en menor proporción, y diferencias con respecto al marcador GATAH4.1(H4). Pero además, es necesario resaltar como 2 laboratorios (8%) no reportaría dicho perfil

en un INFORME pericial, ni lo registrarían en una Base de Datos Criminal. Igualmente hay que señalar como existe un laboratorio (4%) que registra los marcadores monoalélicos como si de marcadores bialélicos se tratara.

DYS456	DYS389I	DYS390	DYS389II	DYS458	DYS19	DYS385	DYS393	DYS391	DYS439	DYS635	DYS392	GATAH4.1(H4)	DYS437	DYS438	DYS448	n	%	18. Comentarios_M1
15-16	13	24	29-30	17-18	13-14	12-14-15-16	13-15	11	11-12	22-23	13-14	20-21	14	8-12	18-21	12	48%	
15-16	13	24	29-30	17-18	13-14	12-14-15-16	13-15	11	11-12	22-23	13-14	11-12	14	8-12	18-21	5	20%	
15-16	13-13	24-24	30-29	18-17	13-14	15-16-12-14	15-13	11-11	11-12	22-23	14-13	11-12	14-14	8-12	21-18	1	4%	Mezcla de Haplotipos para 2 individuos. Alelos 1-2: Haplotipo para el mayor contribuyente ; Alelos 3 -4: Haplotipo para el menor contribuyente.
15-16	13	24	29-30	17-18	13-14	12-14-15-16	13-15	11	11-12	22-23	13-14	20(11)-21(12)	14	8-12	18-21	2	8%	
15-16	13	24	29-30	17-18	13-14	12-14-15-16	13-15	11	11-12	22-23	13-14	20-21	14	8-12	18*-21	1	4%	(*) allele leggermente al di sotto della soglia stocastica
15-(16)	13	24	(29)-30	(17)-18	13-(14)	(12)-(14)-15-16	(13)-15	11	11-(12)	22-(23)	(13)-14	11-(12)	14	8-(12)	(18)-21	1	4%	( ) Alelos detectados en menor proporción. Este laboratorio no introduce perfiles en Base de Datos Criminal.
15-[16]	13	24	[29]-30	[17]-18	13-[14]	[12]-[14]-15-16	[13]-15	11	11-[12]	22-[23]	[13]-14	20-[21]	14	8-[12]	[18]-21	1	4%	[ ] Alelos detectados en menor proporción
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	8%	
																25	100%	

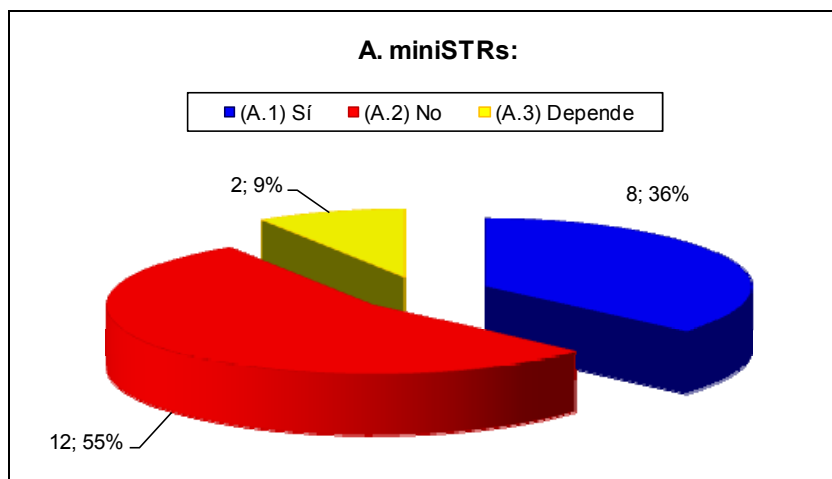
Adicionalmente, se solicitó a los laboratorios participantes que señalaran si los perfiles mezcla especificados, tanto de marcadores autosómicos como de cromosoma Y, los registraría en el Informe Pericial y/o en Base de Datos. Más de la mitad sólo lo registraría en el Informe Pericial (68%) y casi un cuarto (20%) lo haría tanto en el Informe Pericial como en Base de Datos. Y tan sólo 3 laboratorios (12%), no lo registrarían ni en uno ni en otro.

Reporte de perfil mezcla de marcadores Autosómicos	n	%
Sólo en informe pericial	17	68%
Sólo en BD	0	0%
Tanto en informe pericial como en BD	5	20%
Ni en informe pericial ni en BD	3	12%
	25	100%

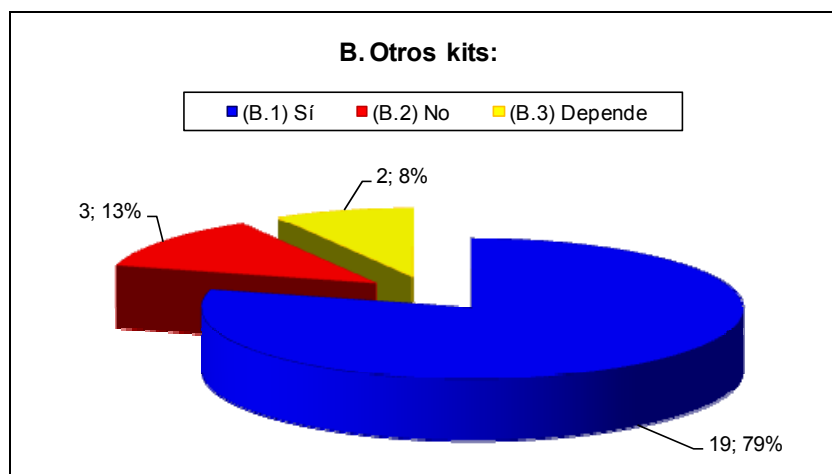
Reporte de perfil mezcla de cromosoma Y	n	%
Sólo en informe pericial	17	68%
Sólo en BD	0	0%
Tanto en informe pericial como en BD	5	20%
Ni en informe pericial ni en BD	3	12%
	25	100%

**B1.4. Análisis Adicionales**

**20.- ¿Cree que la resolución de las mezclas de este ejercicio hubiera requerido análisis adicionales tales como?**

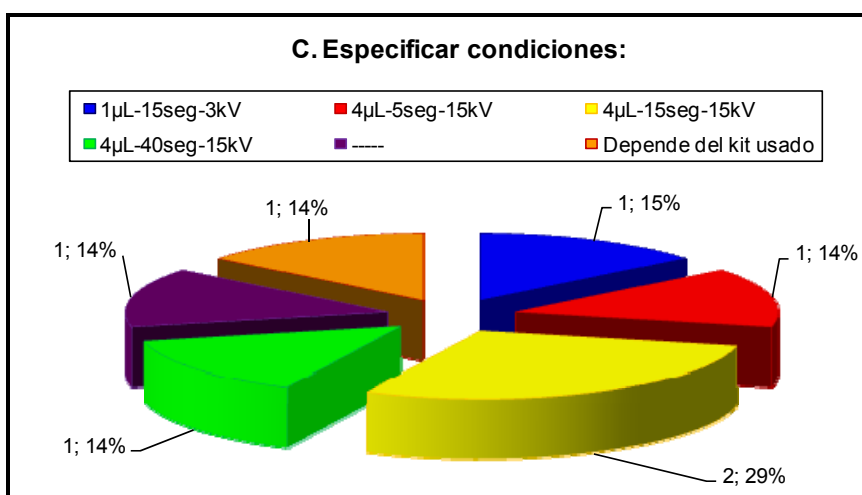
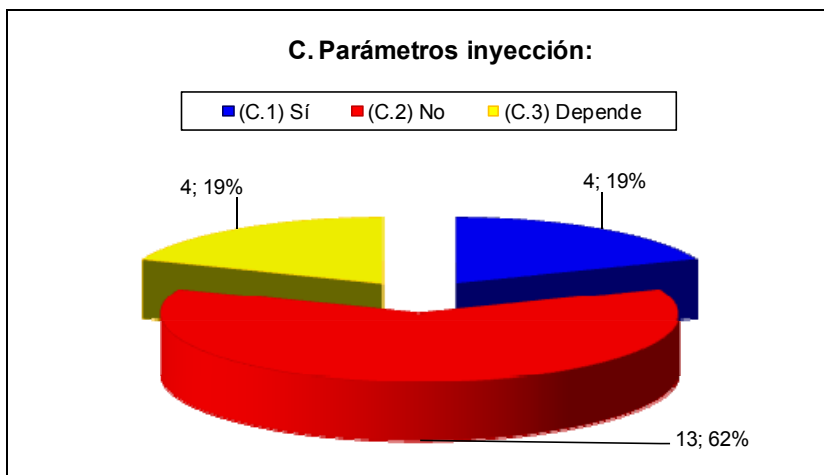


Más de la mitad de los laboratorios (55%) no usarían miniSTRs adicionales para la resolución de la mezcla. Y el 36% de los que sí los emplearían, sería para completar marcadores y/o resolver algunos marcadores en los que se observan *drop-out's*, como el D21S11 (en el que falta el alelo 32.2), o confirmar aquellos en los que algunos de sus alelos están por debajo del umbral estocástico propuesto en el ejercicio, como por ejemplo el D2S1338.



Por otro lado, más de tres cuartas partes de los laboratorios (79%) utilizarían otros kits adicionales a los empleados en el ejercicio, como por ejemplo el *Globalfiler* o el *PowerPlex Fusion 6C*, o incluso los kits *Identifiler*, *Powerplex EXS17* o *PowerPlex 21*. Fundamentalmente por el hecho de añadir más marcadores a los analizados, que ofrecieran más información a la mezcla. E igualmente, indican que ayudarían a solventar ciertos marcadores que, sólo con el *NGM*, habían quedado “incompletos” al no resolver algunas microvariantes que se intuyen en el electroferograma, como es el caso de los marcadores D1S1656 y de D12S391.

Y con respecto a variar los parámetros de inyección, más de la mitad de los laboratorios (62%) no las variarían. Y los que las variarían, en general aumentarían fundamentalmente el volumen de amplificado inyectado, para recuperar los *drop-out's* y resolver las microvariantes no detectadas.



En relación a **otras estrategias** adicionales que usarían, algunos laboratorios proponían:

- “usar otro polímero (tipo POP6) que pudiera discriminar mejor las variantes que se diferencian en una sola base. Por ejemplo, *PowerPlex Fusion* contempla este protocolo”. Otros laboratorios proponen incluso el uso de POP7.
- Bastantes laboratorios proponen repetir extracción y tipaje, a pesar de que se especifica que no se dispone de más muestra para repetir análisis.
- También se indica repetir la amplificación con más volumen o con otros kits, como ya se recoge en los párrafos anteriores. Este hecho se podría contemplar, a pesar de aumentar el número de artefactos y/o *drop-in's*, puesto que ya se dispone de un perfil duplicado que quizás podría permitir discriminarlos. Aunque habría que valorar si realmente son artefactos o alelos nuevos no detectados. Podría ser un punto interesante de discusión. Y en cualquier caso, amplificaciones adicionales permitirían “obtener una reproducibilidad del perfil genético obtenido” u “obtener un perfil consenso”, como en general se suele realizar en este tipo de muestras.
- También hay algunos laboratorios que proponen el uso de columnas de purificación para el producto amplificado, “para potenciar la señal de posibles alelos dropped out”.
- O incluso aumentar en un ciclo la PCR, para verificar aquellos alelos que se encuentren por debajo del umbral analítico. Aunque se ha de tener en cuenta que eso también podría generar la aparición de productos artefactuales. Con lo que se debería de valorar y controlar la variación de las condiciones de la PCR, y en cualquier caso, que las mismas estuvieran validadas dentro de cada laboratorio.
- Y con respecto a algunas variantes “enmascaradas” en forma de “hombro” en otros alelos, muy acertadamente se recomienda también revisar o modificar el “método de análisis” en el software (los parámetros “*polynomial degree*” y “*peak window size*”), que podrían permitir su discriminación.

**B2. Emisión Informe Completo**

A los laboratorios participantes se les presentó el siguiente caso simulado:

Ir a la hoja del **ÍNDICE**

<< anterior siguiente >>

**B2.1. EMISIÓN INFORME COMPLETO** nº lab

**Envío de muestras al laboratorio forense:**

En la mañana del día 27-Noviembre-2015, se recibe en el laboratorio un paquete con el código del caso, Diligencias Previas "GHEPMIX6", procedente del Juzgado de Instrucción nº 0 de Madrid. Dicho paquete contiene:

- un tubo con hisopo, rotulado como "M1 – hisopo vaginal", contenido en una bolsa de auto-cierre transparente, rotulada como "GHEPMIX6-dubitada".
- 2 tubos con hisopo, rotulados cada uno como "M2 – indubitada víctima" y "M3 – indubitada víctima", contenidos en una bolsa de auto-cierre transparente, rotulada como "GHEPMIX6-víctima".
- 2 tubos con hisopo, rotulados cada uno como "M4 – indubitada sospechoso" y "M5 – indubitada sospechoso", contenidos en una bolsa de auto-cierre transparente, rotulada como "GHEPMIX6-sospechoso".
- Sobre con documentación:
  - ☒ oficio del juzgado, indicando lo que se envía,
  - ☒ formulario de envío de muestras, relleno por el médico forense del Instituto de Medicina Legal "IML-GHEPMIX6", indicando las muestras que se envían, perfectamente identificadas. Además, se indica que se trata de una "Agresión sexual", que fue cometida en la madrugada (02:00 h.) del día 24-Noviembre-2015, cuando regresaba a casa tras haber salido con unas amigas en la noche del 23-Noviembre-2015. Que hubo un único agresor, que fue una agresión vaginal, sin profiláctico y con eyaculación externa, y que la víctima se lavó "por encima" (según palabras de la víctima) tras los hechos denunciados, en cuanto llegó a su casa. La toma de muestras fue realizada en la mañana (12:00 h.) del día 24-Noviembre-2015, tras realizar la denuncia en una comisaría de policía,
  - ☒ informe del médico forense, que aparte de los datos ya recogidos en el formulario de muestras, se reseñan además relaciones consentidas 30 horas antes de la agresión (22-Noviembre-2015) con su pareja habitual. En dichas relaciones tampoco se utilizaron medidas profilácticas, y además, la víctima indica que no recuerda si hubo eyaculación interna,
  - ☒ formularios de consentimiento informado de toma de muestras, para todas las muestras indubitadas recogidas. Con respecto a las muestras tomadas del "Sospechoso", además, en la documentación se indica que fue asistido por un abogado de oficio.

**2º Envío de muestras al laboratorio forense:**

Con posterioridad, en la mañana del día 01-Diciembre-2015, se recibió un nuevo paquete asociado al mismo caso, Diligencia Previa "GHEPMIX6", pero esta vez remitido directamente por el "IML-GHEPMIX6". Dicho paquete contiene:

- 2 tubos con hisopo, rotulados cada uno como "M1 – indubitada pareja" y "M2 – indubitada pareja", contenidos en una bolsa de auto-cierre transparente, rotulada como "GHEPMIX6-pareja".
- Sobre con documentación:
  - ✗ formulario de envío de muestras, relleno por el médico forense del Instituto de Medicina Legal "IML-GHEPMIX6", indicando las muestras que se envían, perfectamente identificadas. Además, se indica que se trata de la "Pareja habitual" de la "Víctima" y que la toma de muestras fue realizada en la mañana (10:00 h.) del día 30-Noviembre-2015,
  - ✗ formulario de consentimiento informado de toma de muestras, indicando la finalidad de la misma, que es para "descarte".

[<< anterior](#)

[siguiente >>](#)

Si desea tener un registro impreso de esta página, púlsese el botón

Ir a la hoja del [ÍNDICE](#)

[<< anterior](#)

[siguiente >>](#)

**B2.2. EMISIÓN INFORME COMPLETO**

nº lab

**Custodia y trabajo en el laboratorio forense. Resultados:**

Tras recepcionar las muestras en el centro, fueron remitidas al Servicio de Biología, donde se comenzaron los análisis el mismo día 27-Noviembre-2015. Las muestras recibidas el día 1-Diciembre-2015, fueron igualmente remitidas al Servicio de Biología, comenzando su análisis dicho mismo día. Toda la parte analítica en el laboratorio fue finalizada el día 14-Diciembre-2015, obteniéndose los siguientes resultados:

- **Muestras indubitadas:** se extrajo medio hisopo de cada una de las muestras, obteniéndose un perfil por duplicado de cada una de las personas implicadas en el caso: "Víctima", "Pareja" y "Sospechoso". A continuación se reporta la tabla de resultados correspondientes:

**Perfiles del sospechoso detenido:**

<b>Sospechoso 1</b>	
<b>Amelogenina</b>	<b>X-Y</b>
D10S1248	14-15
vWA	14-16
D16S539	13
D2S1338	17-22
D8S1179	13
D21S11	29-32.2
D18S51	15
D22S1045	16
D19S433	13-14
TH01	6-9.3
FGA	22
D2S441	10-11.3
D3S1358	14-15
D1S1656	15-16.3
D12S391	21

<b>Sospechoso 1</b>	
DYS456	16
DYS389I	13
DYS390	24
DYS389II	29
DYS458	17
DYS19	14
DYS385	12-14
DYS393	13
DYS391	11
DYS439	12
DYS635	23
DYS392	13
GATAHA.1 (H4)	21(12)
DYS437	14
DYS438	12
DYS448	18

**Perfiles de la pareja habitual:**

<b>Pareja habitual</b>	
<b>Amelogenina</b>	<b>X-Y</b>
D10S1248	13-16
vWA	14-18
D16S539	12-13
D2S1338	20-24
D8S1179	12-13
D21S11	29
D18S51	15-17
D22S1045	15-16
D19S433	14-16
TH01	7-8
FGA	24-25
D2S441	11-14
D3S1358	17-18
D1S1656	15-17
D12S391	19-19.3

<b>Pareja habitual</b>	
DYS456	15
DYS389I	13
DYS390	24
DYS389II	30
DYS458	18
DYS19	13
DYS385	15-16
DYS393	15
DYS391	11
DYS439	11
DYS635	22
DYS392	14
GATAHA.1 (H4)	20(11)
DYS437	14
DYS438	8
DYS448	21

**Perfil de la víctima:**

	Víctima
Amelogenina	X-X
D10S1248	16-17
vWA	16-17
D16S539	9-12
D2S1338	18-19
D8S1179	13-15
D21S11	29-31.2
D18S51	11-16
D22S1045	15
D19S433	13-15
TH01	7-9.3
FGA	21-24
D2S441	11
D3S1358	14-16
D1S1656	15.3-18.3
D12S391	20-25

▪ **Muestras indubitadas:**

- PSA + débil



- Microscopia con tinción "Christmas Tree": 5 cabezas (en una alícuota de 10 µL)
- Fracción celular: sólo se obtiene un perfil único coincidente con el perfil de la "Víctima"
- Fracción seminal:
  - Cuantificación mediante Quantifiler® Trio:
    - ADN\_Large: 0.600 ng/µL
    - ADN\_small: 0.700 ng/µL
    - ADN\_Large: 0.380 ng/µL
    - ID: 1.167
  - Amplificación 1µL, con NGM®: perfil mezcla autosómico
  - Amplificación 1µL, con Yfiler®: perfil mezcla cromosoma Y

[<< anterior](#)

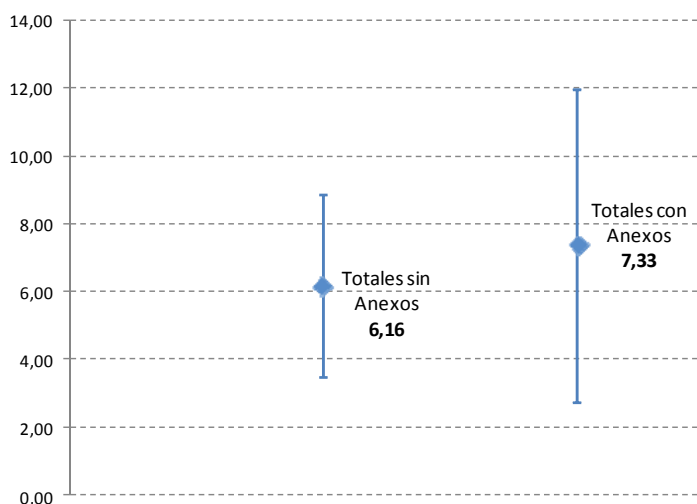
[siguiente >>](#)

Si desea tener un registro impreso de esta página, púlsese el botón

**Valoración Formal de los Informes remitidos**

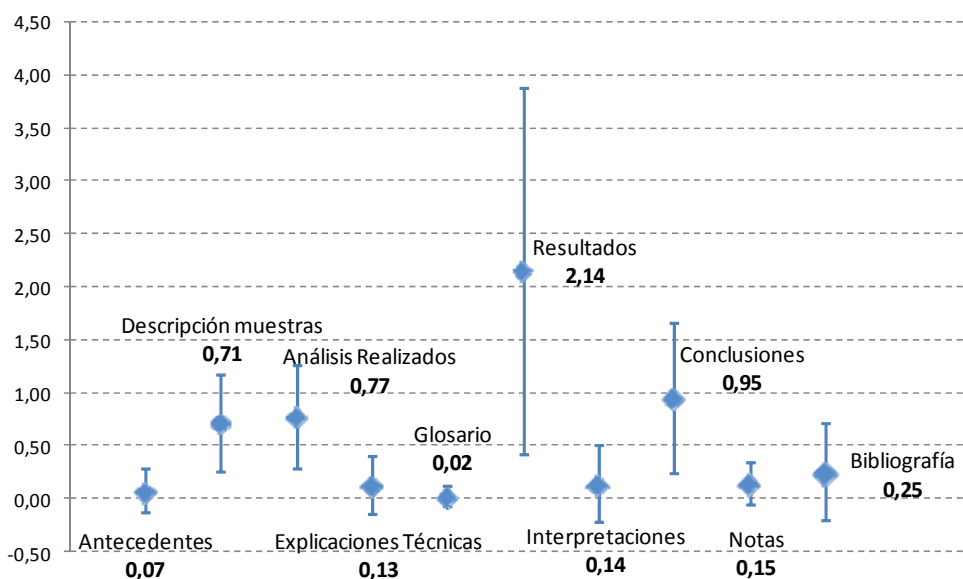
Se realizó una primera valoración cuantitativa de los Informes remitidos por los participantes por el número de páginas emitidas, separando entre aquellos que incluían y no incluían anexos. Tan sólo 3 laboratorios incluyeron anexos como tal, con un rango de número de páginas entre 2 y 10, lo que supone una media de 7.33 páginas. Y para el resto (25 laboratorios), los informes emitidos tienen un rango de número de página que va de 1 página y las 11 páginas, lo que supone una media de 6.16 páginas.

**Número de páginas (media)**



Valorando por los apartados incluidos en el informe, en la siguiente tabla se incluye el número medio de páginas de cada uno de los apartados considerados, siendo el más extenso el de “Resultados”, con una media de 2.14 páginas, seguido del de “Conclusiones”, con una media de 0.95 páginas. Los siguientes en extensión serían el de “Análisis Realizados” (0.77 páginas) y el de “Descripción de las Muestras” (0.71 páginas).

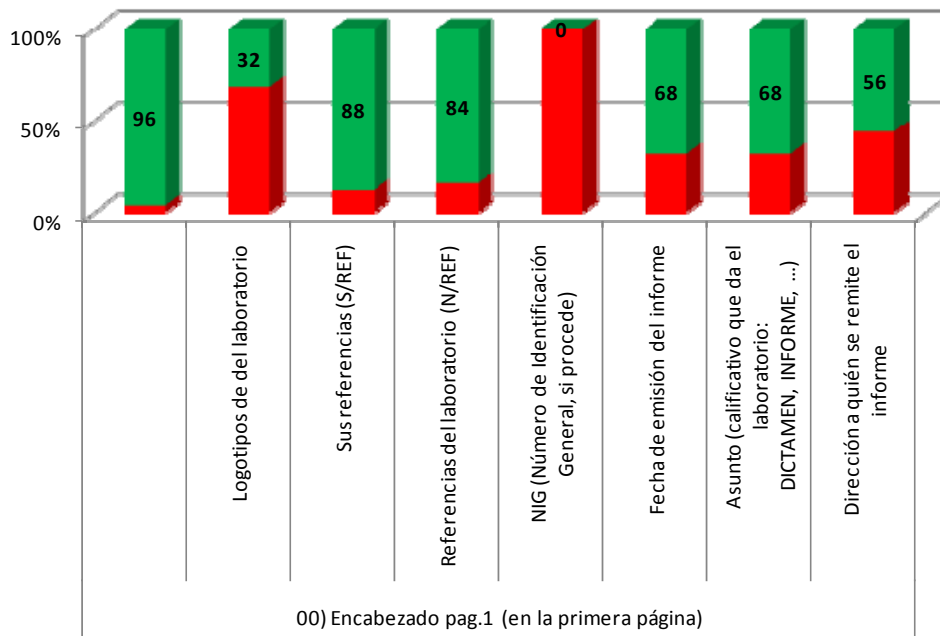
**Número de páginas (media)**



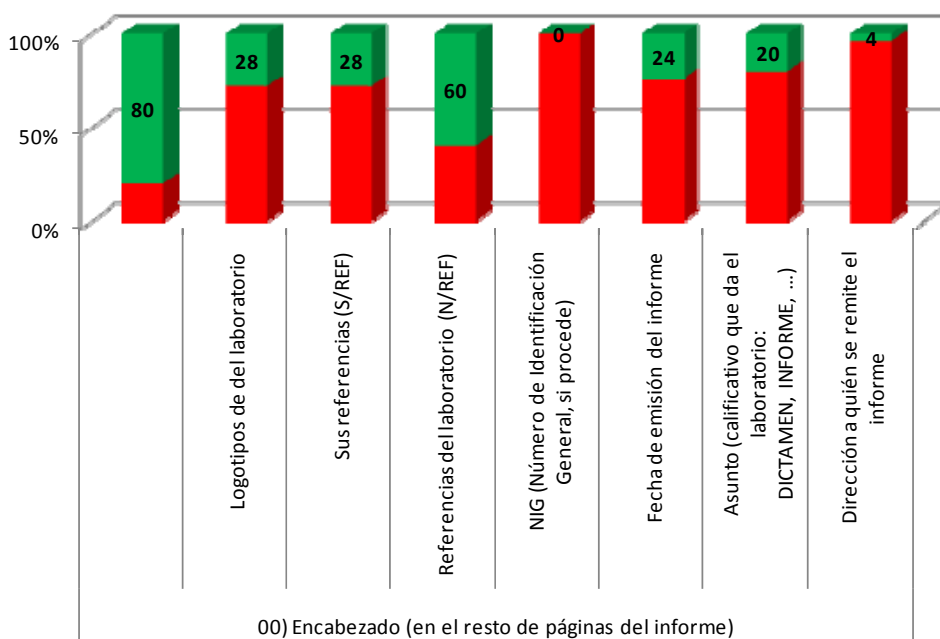
En los siguientes apartados se realiza un análisis por los contenidos de cada uno de los apartados.

**00) Encabezado**

En relación con el encabezado de los Informes, se distinguió básicamente entre la página inicial o principal y el resto de páginas de los informes.



Así, en la práctica totalidad de los informes remitidos (96%) en la primera página se incluía un encabezado de algún tipo, y en la mayoría de ellos se incluía las referencia del organismo remitente (88% de los laboratorios) y la referencia asignada por el propio laboratorio que emitía el informe (84%). Y en poco más de la mitad de los informes se incluía la fecha de emisión del informe (68%), el asunto o calificativo del informe/dictamen (68%) y la dirección a quién se remitía el informe (56%). Sorprende que ningún informe incluya el NIG (Número de Identificación General), que es un número inequívoco que habitualmente se asigna en los juzgados en España (ver recomendaciones de la **CNUFADN** de 27 de octubre de 2015).

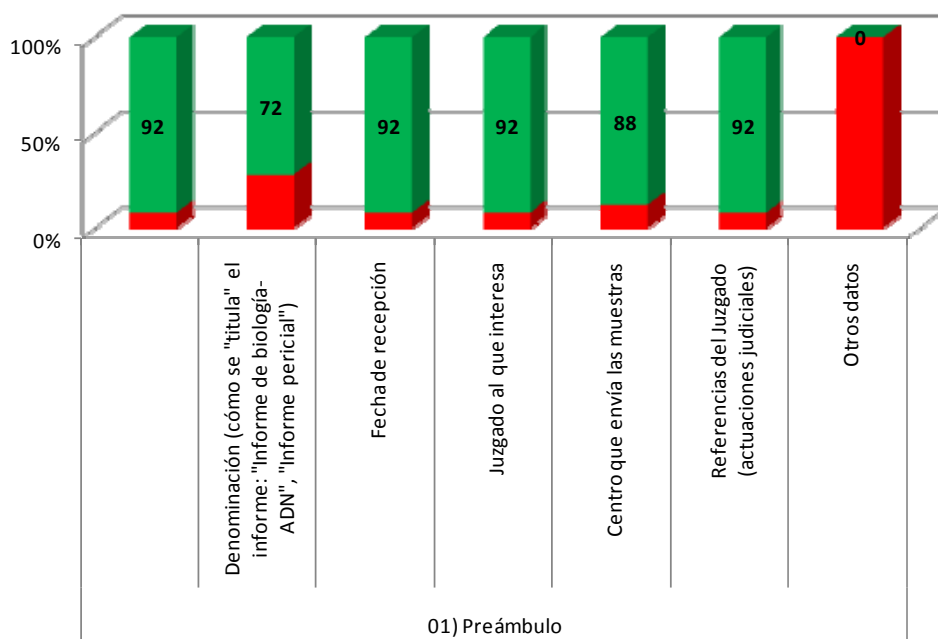


En el resto de páginas, sólo el 80% de los laboratorios incluyen algún tipo de encabezado. Y sorprendentemente sólo el 60% incluyen al menos la identificación que se le ha asignado en el laboratorio al asunto recibido. Este hecho podría resultar un tanto equívoco, pues debería ser recomendable que todas las páginas de los informes estuvieran identificadas al menos con

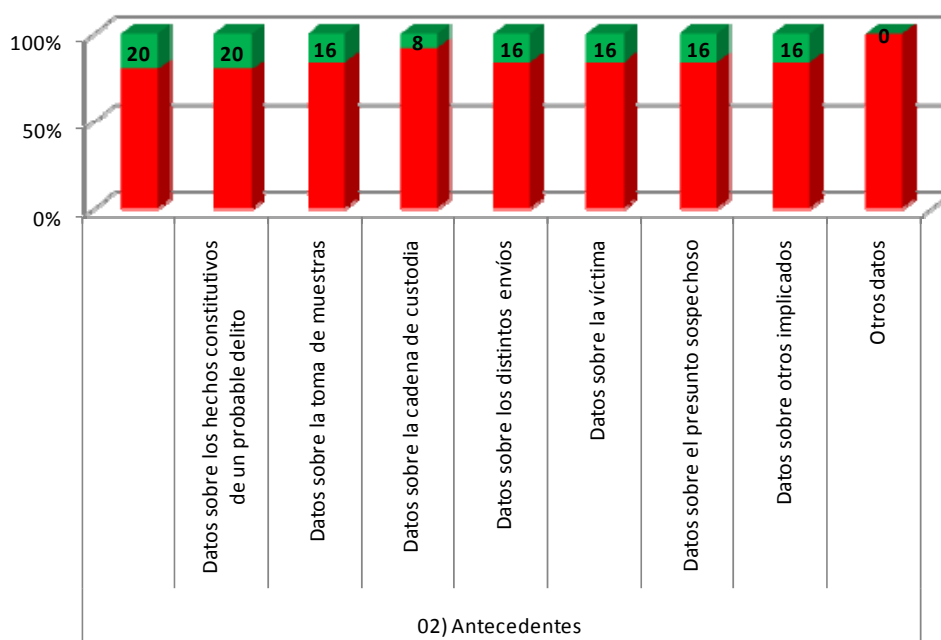
la referencia del órgano remitente y/o el laboratorio emisor del informe, y en el mejor de los casos, con ambas referencias para garantizar la **autenticidad** e **integridad** del texto emitido por el laboratorio. En este sentido se pronuncia la norma ISO 17025, en su punto 5.10.2 apartado c, que en su Nota 1, también incluye la conveniencia de que “las copias en papel de los informes (....) incluyan el número de página y el número total de páginas”.

### 01) Preámbulo

Con respecto al Preámbulo de los informes, el 92% de los laboratorios incluyen este apartado, y todos estos al menos incluyen en el mismo la fecha de recepción del caso, el juzgado al que interesa y las referencias del juzgado. Algunos menos laboratorios (88%) indican el centro que remite las muestras, que de forma intencionada en este caso simulado se hizo que fuera diferente. Y tan sólo el 72% de los laboratorios encabezan el informe con la denominación del mismo (“Informe de biología-ADN” o similar), como señala la norma ISO 17025 (punto 5.10.2 apartado a).



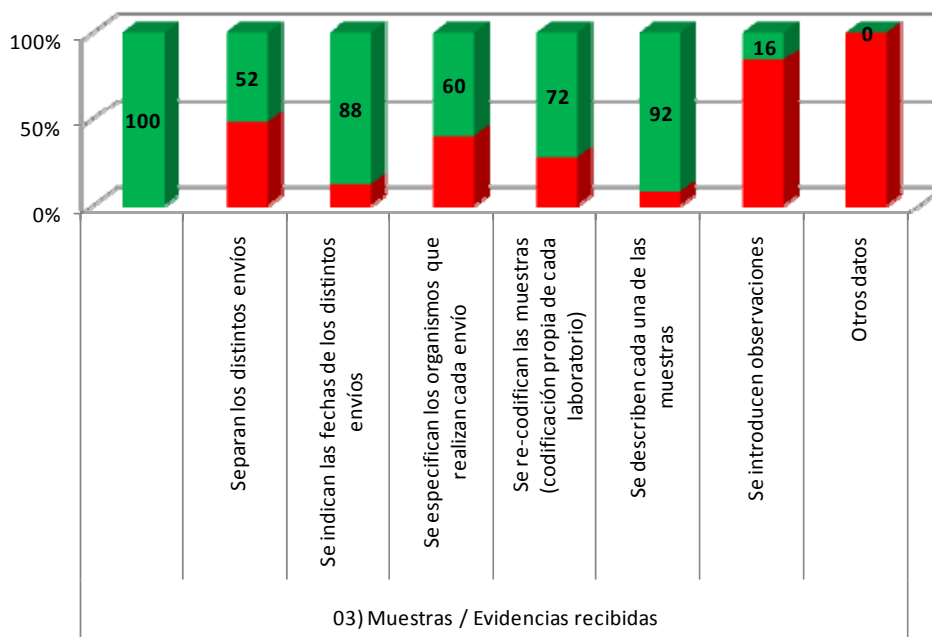
### 02) Antecedentes



En relación con los antecedentes del caso, o aquellos datos proporcionados por los organismos solicitantes de los análisis, son pocos los laboratorios que los recogen en sus informes, tan sólo el 20%, lo que supone 5 laboratorios de todos los participantes. Estos realizan un registro variable de los datos. Todos los que registran antecedentes, recogen datos sobre los hechos constitutivos de un probable delito, y una gran mayoría de estos (4 laboratorios), anotan datos sobre la toma de muestras, los distintos envíos, sobre la víctima, el presunto sospechoso o de otros implicados. Sorprende que tan solo 2 laboratorios (8%) registren alguna información en este apartado sobre la cadena de custodia de las evidencias remitidas.

### 03) Muestras / Evidencias Recibidas

Con respecto al apartado de “Muestras / Evidencias recibidas”, evidentemente la totalidad de los laboratorios participantes lo recogen en sus informe. La mayoría (92%) describen e identifican las muestras enviadas, tal y como recomienda la norma ISO 17025 (punto 5.10.2, apartado f). Menos laboratorios (88%) registran las fechas de los envíos de las muestras. Sorprende que poco más de la mitad (52%) separen los envíos o se especifiquen los organismos que realizan cada envío. Casi tres cuartos de los laboratorios (72%) recodifican las muestras.

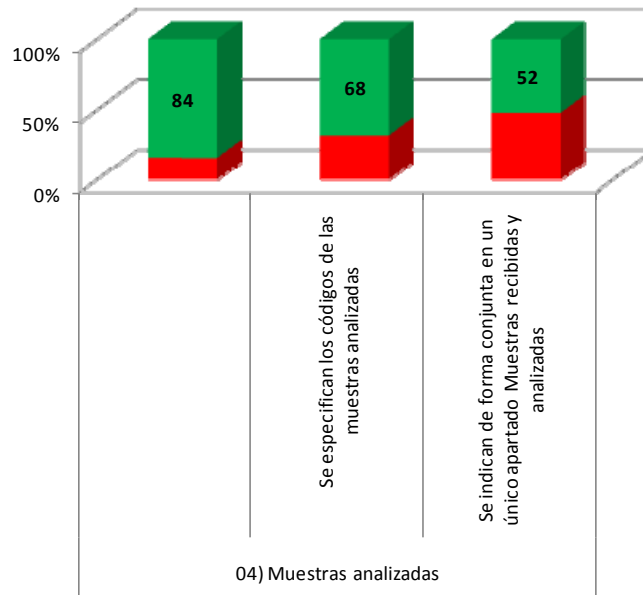


### 04) Muestras analizadas

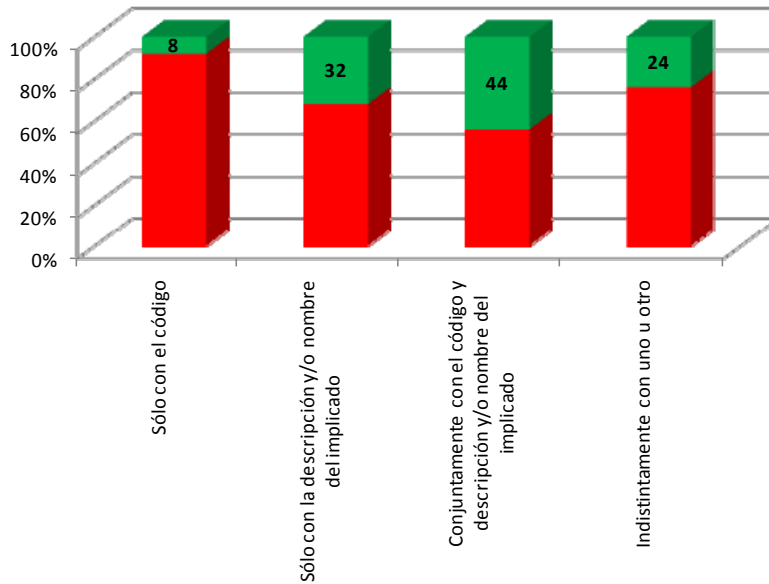
Una gran mayoría de los laboratorios (84%) especifican como tal las muestras analizadas, y más de la mitad (68%), enumerando el código de las mismas. Se ha de destacar que poco más de la mitad de los laboratorios (52%) indican de forma conjunta los apartados de “Muestras / Evidencia recibidas” y “Muestras analizadas”.

De forma adicional, se ha de subrayar que en el cuerpo de los informes remitidos casi la mitad de los laboratorios (44%) especifican de forma conjunta tanto el código como la descripción de la muestra a la que hacen referencia. El 32 % de los laboratorios sólo hacen mención a las muestras a través de sus descripción, el 24% de forma indistinta a código y descripción de la muestra, y sólo un 8% (2 laboratorios), sólo se refieren a las muestras a través del código que se les ha asignado.

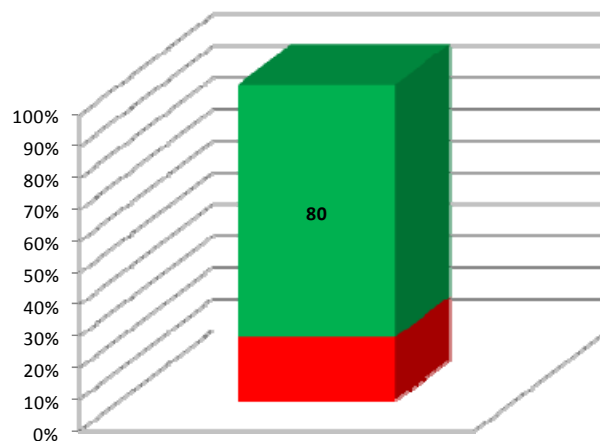
Por un tema de trazabilidad, en el cuerpo del informe, al menos se debería de indicar la codificación de la muestras analizadas, la misma que se haya indicado/asignado en los apartados de “Muestras / Evidencias recibidas” y/o en “Muestras analizadas”, pero en ningún caso sólo la descripción de la muestras, pues puede ser equívoco. De esa forma, además se permitiría mantener una lectura continua e idónea del informe (sin necesidad de recurrir constantemente a apartados previos).



En el cuerpo del informe las evidencias/muestras son citadas:



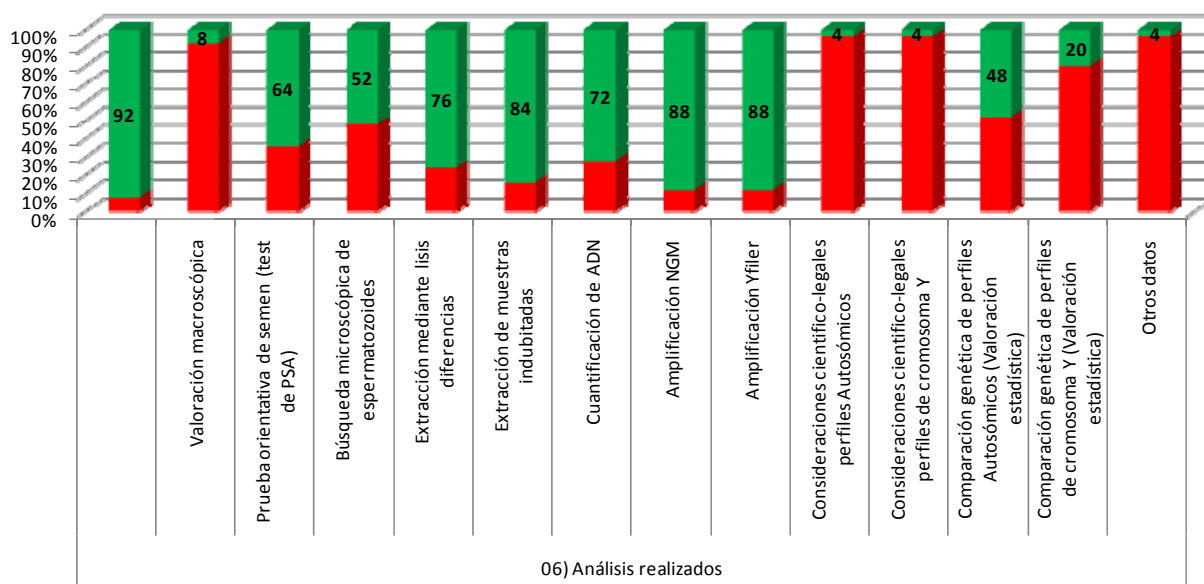
05) Análisis solicitados



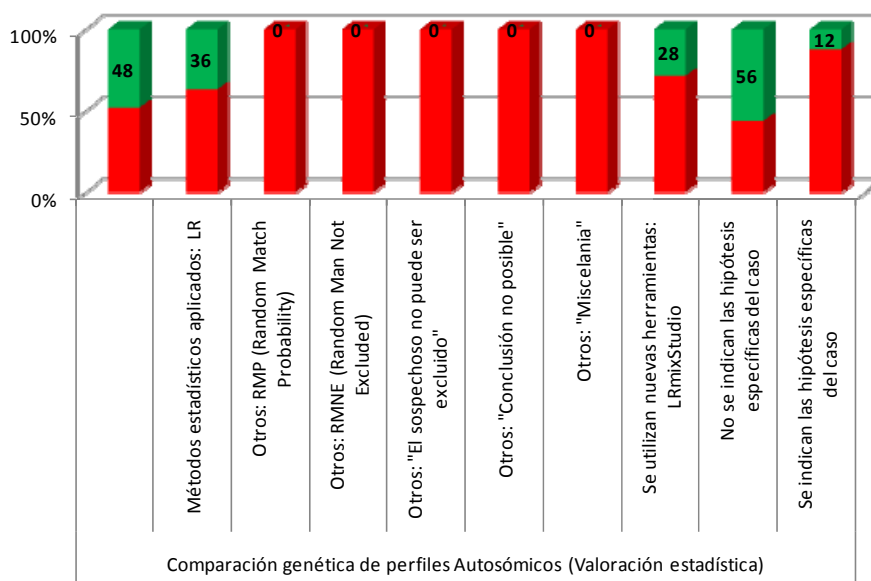
Sorprende que no todos los laboratorios, tan sólo el 80% de ellos, registren un apartado con los análisis solicitados por el/los órganos remitentes de las muestras. En cualquier caso, no tendría mayor problema si todos registraran los “Análisis realizados”, como se indicará en el siguiente epígrafe.

## 06) Análisis realizados

Sin embargo, de nuevo se observa que no todos los laboratorios (hay 2 laboratorios, 8%) registran los análisis realizados tal y como claramente recoge la norma ISO 17025 (punto 5.10.2 apartado e). Evidentemente, otro hecho será valorar qué métodos se registren, a pesar de que en el caso simulado se dieron todos los resultados que presuntamente se obtuvieron por el laboratorio de análisis. Más de la mitad registran las pruebas orientativas (64%), la búsqueda microscópica de espermatozoides (52%), y algunos más son los que registran la extracción mediante lisis diferencial (76%), la extracción de las muestras indubitadas (84%), cuantificación de ADN (72%) y amplificación con los distintos kits (88%).



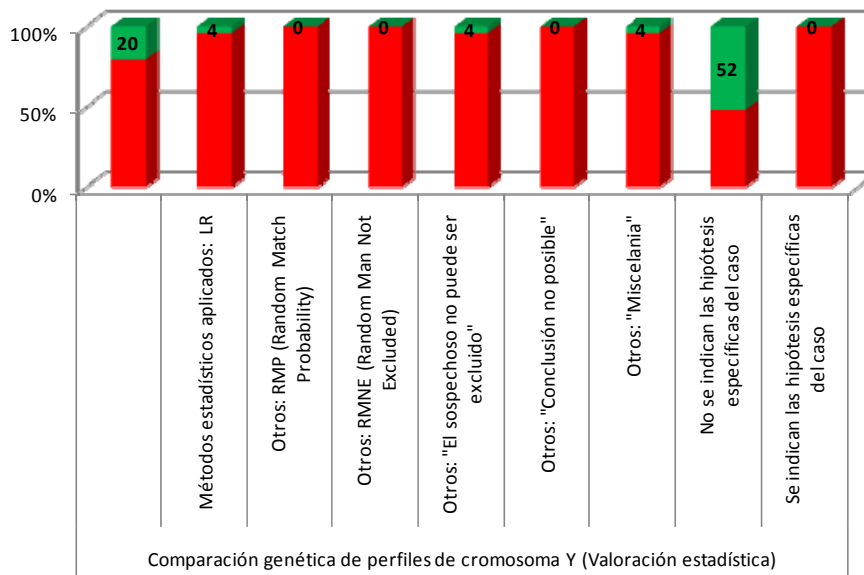
### 06.1) Análisis realizados. Comparación genética perfiles Autosómicos



Tan sólo un laboratorio (4%) introduce consideraciones científico-legales en relación con los perfiles, tanto de marcadores autosómicos como de cromosoma Y.

Y en relación con las comparaciones genéticas realizadas, menos de la mitad de los laboratorios (48%) registran comparaciones genéticas de perfiles autosómicos, y sólo el 36% indican como método aplicado la valoración del LR. Un 28% especifican en este apartado que utilizan el software *LRmixStudio*. Más de la mitad de los laboratorios (56%), en este punto no especifican las hipótesis planteadas para el caso, y sólo un 12% (3 laboratorios) indican las hipótesis planteadas.

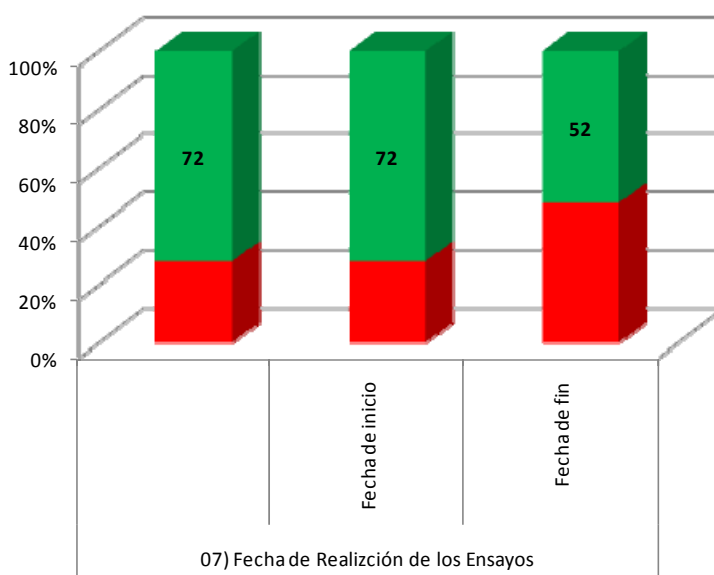
**06.2) Análisis realizados. Comparación genética perfiles crY**



Con respecto a las comparaciones genéticas de perfiles de cromosoma Y, sólo el 20% de los informes remitidos (de 5 laboratorios), registran en este apartado haber realizado este tipo de comparaciones, y sólo un laboratorio (4%) especifica haber aplicado el LR.

**07) Fecha de realización de los análisis**

En relación con la fecha de realización de los análisis, tal y como se recoge en la norma ISO 17025 (punto 5.10.2, apartado g), todavía hay un 28% de los de los laboratorios que no la registran. Además, de estos, todos registran la fecha de inicio de los análisis, pero del total, tan sólo el 52% de los laboratorios registran la fecha de finalización de los mismos.

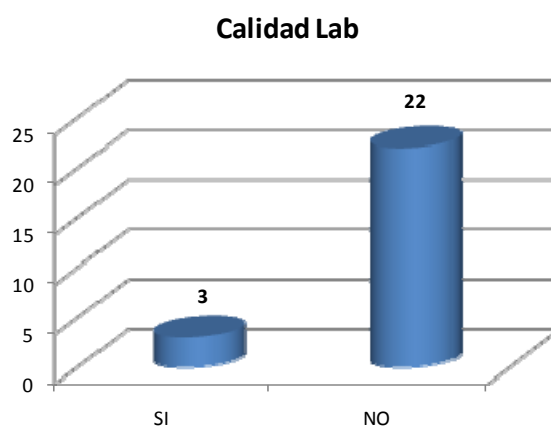


**08) y 9) Resultados y Conclusiones**

Debido al contenido y finalidad de estos apartados, en el presente informe se valorarán de forma conjunta los apartados de Resultados y Conclusiones. Del mismo modo a como se ha comentado, y se comentará, con respecto a otras secciones del dictamen, destacar que todos los informes remitidos por los participantes en este ejercicio incluyeron ambos apartados, con algunas peculiaridades que pasaremos a destacar a continuación.

**Inclusión de datos identificativos de la Calidad del Laboratorio** (p.ej. Ejercicios Colaborativos, Acreditación, ...)

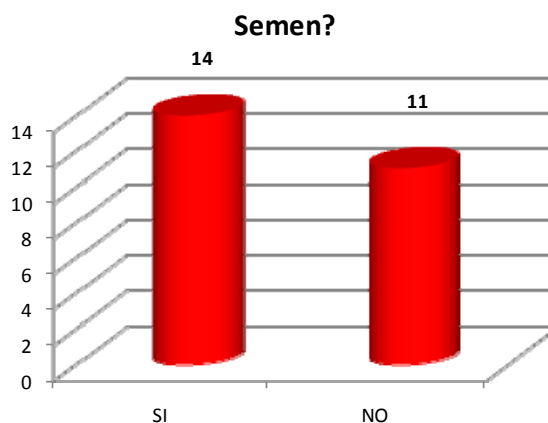
Un primer punto a destacar, es que tan sólo 3 laboratorios de los participantes hacen algún tipo de mención en relación a la “Calidad” del mismo, en aspectos relacionados con la participación en Ejercicios Colaborativos, la Acreditación del laboratorio, etc. Aunque no se trata de un aspecto obligatorio de reflejar en los dictámenes, sí que es un punto a favor sobre la capacitación del laboratorio a la hora de emitir informes.



**Valoración de los resultados de análisis preliminares.** Se informa la presencia de SEMEN.

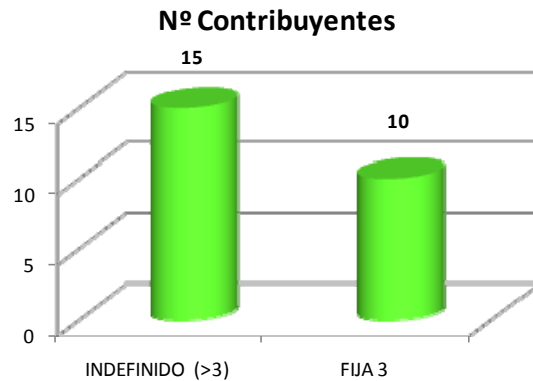
Entrando de lleno en los resultados, un primer punto a valorar es si los laboratorios informan la presencia de semen, en base a los resultados proporcionados en el ejercicio. Poco más de la mitad de los laboratorios (14 de los 25 laboratorios), informan la presencia de semen en la muestra analizada, a pesar de que los datos proporcionados son bastante determinantes a este respecto.

Nos parece importante que, siempre que sea posible, el laboratorio de análisis establezca el origen del material genético obtenido, su pertenencia a un determinado fluido. A veces, dicho origen no podrá ser establecido debido a la escasa cantidad del material recuperado. Pero otras, en que la cantidad del fluido o células específicas del mismo sean suficientes, sí que se podrá establecer. Dicha información puede ser determinante para el caso, para la interpretación y valoración por parte de la autoridad judicial, ya que no es lo mismo que el perfil, mezcla o único, proceda de un determinado fluido biológico como semen, a que proceda de saliva u otro. Este dato puede aportar una relevante información al Tribunal.



### Valoración de la mezcla de marcadores Autosómicos

En relación con la Valoración de la mezcla de marcadores autosómicos, de los laboratorios participantes, más de la mitad (15 laboratorios) informan que a la mezcla han contribuido al menos 3 individuos, mientras que el resto de los laboratorios (10 laboratorios) fijan en 3 el número de contribuyentes a la misma.

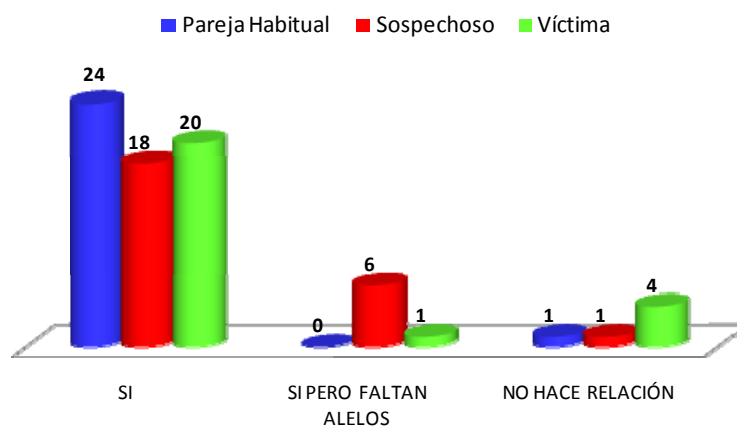


Con respecto a los contribuyentes conocidos, y cuyos perfiles son proporcionados entre los datos del ejercicio, la práctica totalidad de los laboratorios (24 laboratorios) indican que la “pareja habitual” forma parte de la mezcla, y tan sólo un laboratorio no hacen mención a dicha circunstancia. En relación a la contribución de la “víctima” a la mezcla: 20 laboratorios concluyen que la “víctima” está incluida en la mezcla; otro laboratorio indica que está incluida, aunque faltan alelos; y 4 laboratorios, no hacen mención alguna a la circunstancia de que la víctima estuviera incluida en la mezcla.

	Hace referencia en las Conclusiones a:		
	Pareja Habitual	Sospechoso	Víctima
<b>n</b>	25	25	25
<b>SI</b>	24	18	20
<b>SI PERO FALTAN ALELOS</b>	0	6	1
<b>NO HACE RELACIÓN</b>	1	1	4

Con respecto al “sospechoso”, una gran mayoría (18 laboratorios) indican en las conclusiones que el “sospechoso” está incluido en la mezcla, 6 laboratorios señalan que está incluido, aunque faltan alelos, y tan solo un laboratorio no hace mención alguna sobre la contribución del sospechoso a la mezcla.

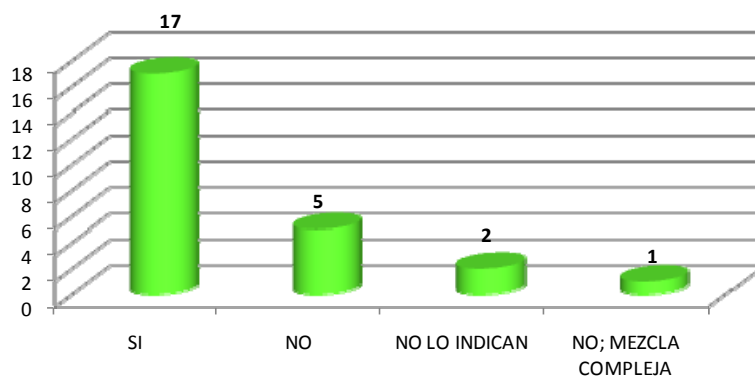
### Hace referencia en las Conclusiones a:



Por otro lado, en relación a la forma en que se ha realizado el cálculo de la Razón de Verosimilitud (LR), en caso de haberse realizado, se puede indicar que una gran mayoría de los laboratorios participantes (17) realizan dicho cálculo de forma automática, y adicionalmente, 2 realizan la valoración del LR, pero no indican cómo han realizado dicho cálculo. Por otro

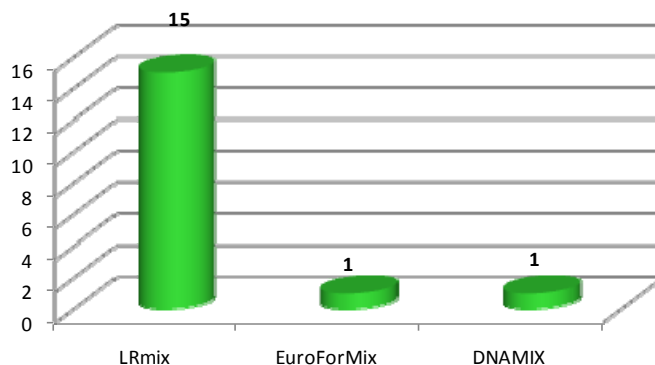
lado, 5 laboratorios no realizan el cálculo del LR, y uno en particular indica que no realizan dicho cálculo al encontrarse ante una mezcla compleja.

### Cálculo de LR AUTOMÁTICO?



En relación a aquellos que realizan el cálculo de forma automática, la gran mayoría (15 de los 17) llevan a cabo dicho cálculo mediante el software **LRmixStudio**, 1 mediante el relativamente reciente **EuroForMix** y el último, mediante **DNAMIX**.

### Software

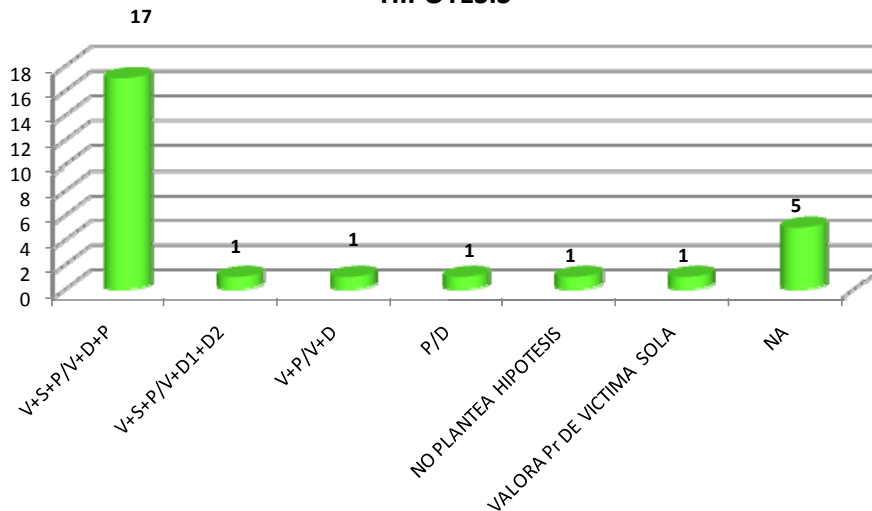


Y entrando de lleno en la valoración del LR, la gran mayoría (17 laboratorios) plantean la misma combinación de hipótesis: tanto víctima, sospecho, como la pareja habitual han contribuido a la mezcla (Hp: V+S+P), frente a que a la misma han contribuido víctima, pareja habitual como un desconocido (Hd: V+P+D). De estos, uno además plantean otra pareja de hipótesis: frente a la combinación de los tres conocidos (Hp: V+S+P), que a la mezclan hubieran contribuido la víctima y dos desconocidos (Hd: V+D1+D2). Otro distinto además valora de forma independiente la contribución de la pareja (Hp) frente a un desconocido (Hd): P/D.

		HIPOTESIS
	n	27
	V+S+P/V+D+P	17
	V+S+P/V+D1+D2	1
	V+P/V+D	1
	P/D	1
	NO PLANTEA HIPOTESIS	1
	VALORA Pr DE VICTIMA SOLA	1
	NA	5

Por otro lado, otro laboratorio valora que los contribuyentes a la mezcla sean víctima y pareja habitual (Hp: V+P) frente a la víctima y un desconocido (Hd: V+D), se supone que valorando la mezcla mayoritaria, una vez extraídos los alelos minoritarios, aunque no se especifica dicho particular. Otro laboratorio, valora sólo la probabilidad de la víctima sola. Otro no plantea hipótesis alguna, y los 5 laboratorios restantes no realizan ningún tipo de valoración, justificando que se trata de una mezcla compleja.

HIPOTESIS



Por último, con respecto a los valores de LR obtenidos por cada uno de los laboratorios que realizan el cálculo del mismo, destaca que ningún laboratorio reporta un valor LR igual entre ellos. En todo caso, 4 laboratorios, reportan valores más o menos próximos entre ellos dos a dos. Evidentemente no se puede justificar que dicha circunstancia sea como consecuencia de utilizar distintas bases de datos, puesto que como se ha comentado, se fijó la población de referencia.

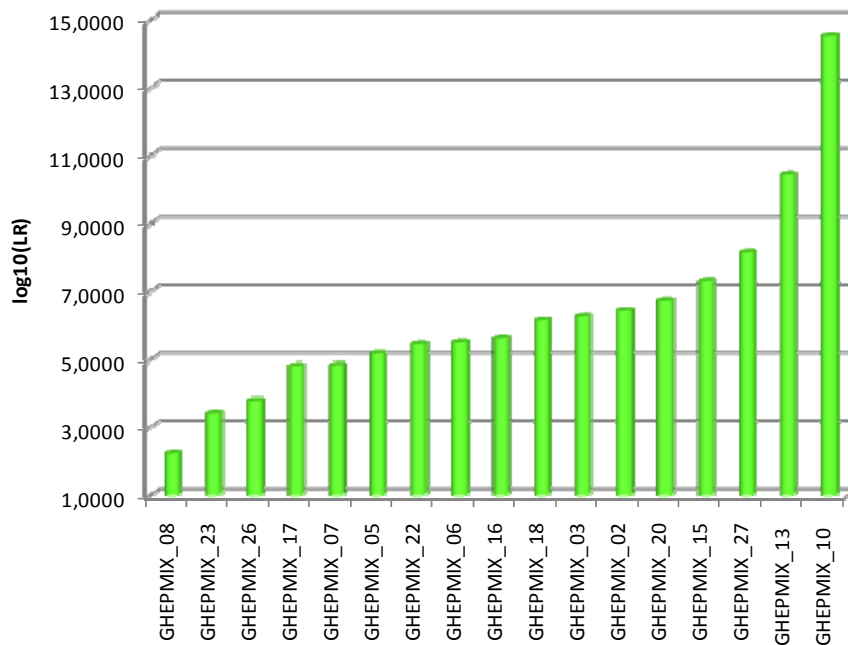
Sorprende además que, a pesar de que 15 laboratorios utilizaron el mismo software, **LRmixStudio**, el intervalo de valores de LR abarca hasta 12 órdenes de magnitud. Las únicas explicaciones plausibles irían desde la composición alélica final del perfil mezcla editado, hasta los parámetros utilizados en los software empleados (probabilidad de *drop-in*; probabilidad de *drop-out*; si se aplica algún tipo de corrección poblacional por sub-estructuración, *Fst*; incluso la posible aplicación de probabilidad de *stutter*; o el método del cálculo del LR, si continuo, bayesiano, cualitativo; etc.).

Laboratorios	Valor LR	Hipótesis	Otras valoraciones	
			Valor LR	Hipótesis
GHEPMIX_08	1,7200E+02	V+S+P/V+D+P		
GHEPMIX_23	2,6000E+03	V+S+P/V+D+P		
GHEPMIX_26	6,1640E+03	V+S+P/V+D+P		
GHEPMIX_17	6,5565E+04	V+S+P/V+D+P		
GHEPMIX_07	6,8487E+04	V+S+P/V+D+P		
GHEPMIX_05	1,4800E+05	V+S+P/V+D+P		
GHEPMIX_22	2,8776E+05	V+S+P/V+D+P		
GHEPMIX_06	3,2224E+05	V+S+P/V+D+P		
GHEPMIX_16	4,3423E+05	V+S+P/V+D+P		
GHEPMIX_18	1,3900E+06	V+S+P/V+D+P		
GHEPMIX_03	1,8200E+06	V+S+P/V+D+P		
GHEPMIX_02	2,7323E+06	V+S+P/V+D+P		
GHEPMIX_20	5,5183E+06	V+S+P/V+D+P		
GHEPMIX_15	1,9820E+07	V+S+P/V+D+P		
GHEPMIX_27	1,3587E+08	V+S+P/V+D+P	7,4048E+19	P/D
GHEPMIX_13	2,7300E+10	V+S+P/V+D+P		
GHEPMIX_10	3,2032E+14	V+S+P/V+D+P	1,1551E+07	V+S+P/V+D1+D2
GHEPMIX_24			1,3400E+19	V+P /V+D

Esta dispersión de los valores del LR no hace más que poner de manifiesto la necesidad de que cada laboratorio tenga completamente definidos sus criterios de edición e interpretación de mezclas, teniendo en cuenta las recomendaciones internacionales. Dichos criterios deberían de ser lo suficientemente claros y aplicables por cualquier perito del laboratorio, y los mismos deberían de estar plasmados en un documento interno (“Protocolo Normalizado de Trabajo”), el cual, si fuera requerido por la autoridad competente o por cualquiera de las parte del proceso, estuviera disponible.

Además, siguiendo la tónica de los últimos ejercicios del GHEPMIX, se pone de manifiesto la necesidad de una formación continua e íntegra en el manejo de aquellos software que el laboratorio determine usar en la casuística habitual con la que se encuentre. Evidentemente, esta formación implica conocer y saber comunicar, si fuera necesario ante un tribunal, cómo se ha realizado el cálculo del LR, porqué se han utilizado determinados parámetros de análisis, y los resultados obtenidos. Por otro lado, el laboratorio también debería de tener validados todos aquellos software y/o herramientas para el cálculo estadístico del peso de la evidencia, de acuerdo con las recomendaciones internacionales.

**Valor LR**



**Valoración de la mezcla de marcadores de Cromosoma Y**

Por otro lado, con respecto a la valoración de la mezcla de marcadores de cromosoma Y, destacar que una amplia mayoría de los laboratorios (15 laboratorios) no realizan ningún tipo de análisis estadístico. Dos laboratorios en particular, indican que no realizan dicho análisis al tratarse de una mezcla compleja. Y de los 8 laboratorios que sí calculan el LR de la mezcla de marcadores de cromosoma Y, dos además realizan una evaluación adicional de la misma, el “performance test”.

	LR CRY?	Otra evaluación
<b>n</b>	25	2
<b>SI</b>	8	
<b>NO</b>	15	
<b>NO, MEZCLA COMPLEJA</b>	2	
<i>performance test</i>		2

De forma más detallada, se puede indicar que 6 laboratorios aplican la misma combinación de hipótesis: que a la mezcla de marcadores de cromosoma Y hayan contribuido el “sospechoso” y la “pareja habitual” de la víctima (Hp: S+P), frente que a la misma hayan contribuido la “pareja habitual” y un desconocido de la población de referencia (Hd: P+D). Un único laboratorio plantea otra pareja de hipótesis: que a la mezcla hayan contribuido “sospecho” y un desconocido (Hp: S+D), frente a que a la misma hayan contribuido 2 desconocidos (Hd: D1+D2).

Por otro lado, hasta 4 laboratorios no valoran la mezcla como tal, sino cada perfil por separado, tanto del sospechoso (S) como de la pareja habitual (P). Y tan sólo 2 laboratorios presentan la frecuencia de la presencia del perfil del sospechoso en la base de datos de referencia considerada.

	HIPOTESIS LR
n	26
NA	13
S+P/P+D	6
S+D/D1+D2	1
No valora mezcla (cada perfil por separado)	4
solo valora frecuencia del S1	2

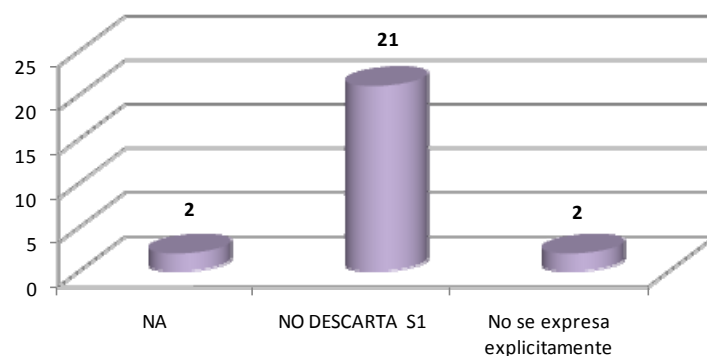
No se entrará en los valores del LR obtenidos para marcadores de cromosoma Y, puesto que los mismos presentan una dispersión similar a la obtenida para los marcadores autosómicos. Se puede valorar que las causas que han llevado a dicha dispersión, no sólo se encuentren en las distintas hipótesis planteadas, sino sobre todo en la población de referencia utilizada para realizar la valoración del LR. Por dicha circunstancia, resulta importante y fundamental que en el informe de emisión de resultados aparezca referenciado el grupo poblacional con el que se está trabajando, sobre todo de cara a una posible contra pericia, ya que puede resultar bastante clarificador a la hora de explicar y justificar las posibles diferencias en los valores recogidos en los distintos informes periciales para un mismo caso. Así, más adelante, en el apartado de anexos de esta sección, se podrán ver cuántos laboratorios hacen referencia precisamente a dicho punto, la población de referencia empleada.

### CONCLUSIONES

A continuación pasaremos a ver de forma sucinta las conclusiones reportadas por cada uno de los laboratorios participantes. Así, destaca que la gran mayoría (21 laboratorios), en sus conclusiones no descarta la contribución del “sospechoso” a la muestra remitida (hisopo vaginal). Dos laboratorios no lo expresan de forma explícita y otros 2 laboratorios no emiten una conclusión al respecto. Estas dos últimas son curiosas, pues en el primer caso se pueden encontrar expresiones del tipo “no se puede establecer que el sospechoso sea el contribuyente minoritario a la mezcla”, y en el segundo caso, aduciendo a la complejidad de la mezcla, la misma “no permite determinar ninguno de sus componentes”. Es sorprendente cómo, ante los mismos resultados proporcionados a los laboratorios participantes, se puede llegar a reportar conclusiones tan opuestas.

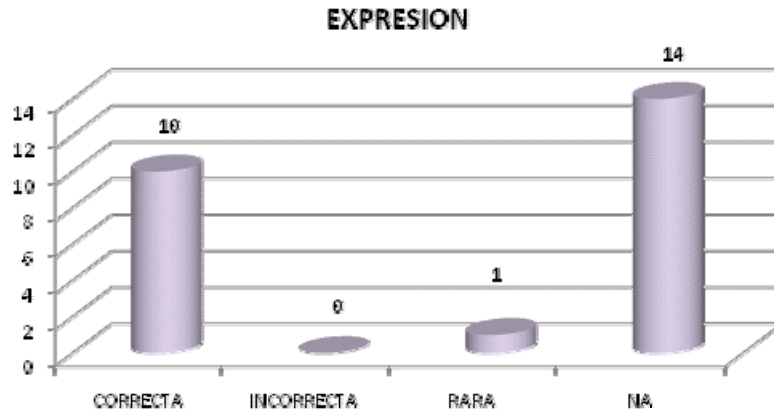
Es complejo evaluar este punto, pues depende mucho del laboratorio y, en definitiva, de los criterios que ha establecido para la valoración de perfiles mezclas. Pero puede llegar a ser muy preocupante que ante los mismos antecedentes y similares resultados, las conclusiones emitidas puedan llegar a ser tan diferentes.

### CONCLUSION FINAL



Además, se hace necesario señalar, ya que no se descarta la contribución del sospechoso a la mezcla por parte de muchos laboratorios, y como hemos visto antes en la valoración estadística de los resultados, existe una cierta incongruencia entre aquellos que no descartan la compatibilidad y aquellos que valoran el peso de la evidencia. De nuevo, hasta donde sea posible, puesto que siempre habrá casos extremadamente complejos, debe evaluarse la prueba genética y emitir el grado de incertidumbre de la coincidencia detectada. Esta es la recomendación de multitud de instituciones y organizaciones internacionales (ENFSI, ISFG, SWGDAM): siempre que se detecte una compatibilidad a partir del análisis genético, la misma ha de ser evaluada, y evidentemente, dicha evaluación ha de ser plasmada en el dictamen que se emita para la autoridad judicial.

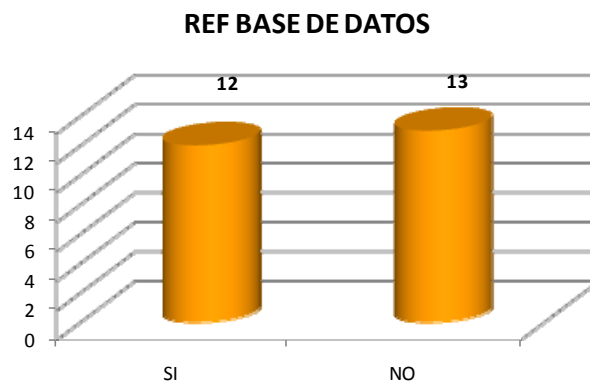
Con respecto a la expresión del LR en las conclusiones, es decir, la verbalización del mismo, sorprende que 14 laboratorios no realicen ningún tipo de verbalización. Entre ellos se incluyen, no sólo aquellos que no realizan una valoración del LR, sino también algunos de los que sí la realizan. Del resto que realizan la valoración del LR, afortunadamente 10 hacen una verbalización del mismo de forma correcta, sin transposición del condicional. Y sólo un laboratorio verbaliza el LR de una forma rara, pero en ningún caso, incorrecta.



## ANEXOS

Y por último, como se ha avanzado en algún punto, a continuación se verán algunos aspectos interesantes a considerar, y que se recogerían, o se deberían de recoger, en una sección de notas y/o anexos. En algunos casos, dichos aspectos se encuentran a lo largo del informe, quizás en apartados que no le correspondería de forma “lógica”. Pero sin entrar en su ubicación “natural”, sí que es interesante destacar el hecho de que sean registrados (o no) en el informe emitido por cada uno de los laboratorios participantes.

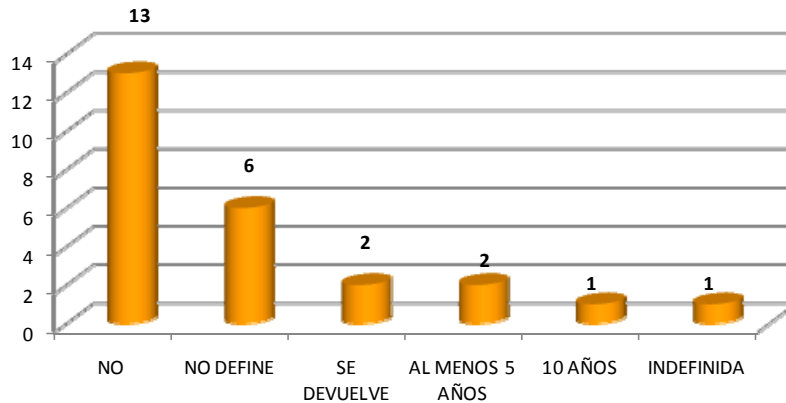
Así, el primer aspecto a valorar será precisamente la referencia a la base de datos de la población de referencia que se haya utilizado o no en la valoración estadística de los resultados, tanto de marcadores autosómicos como de cromosoma Y. Más si cabe, si se ha realizado dicha valoración estadística, consideramos de suma importancia indicar en base a qué grupo poblacional se ha realizado dicha valoración, ya que será determinante para una absoluta reproducibilidad de los resultados obtenidos. Así, sorprende que sólo 12 laboratorios de los participantes hagan mención a la base de datos utilizada. Es imposible no comparar estos resultados con aquellos que han llevado a cabo la valoración estadística, y sorprende comprobar que en absoluto se correlacionan.



Por otro lado, también es interesante señalar un punto básico en cualquier laboratorio forense, y es la custodia de los remanentes de las muestras analizadas (sean estos, los restos de las evidencias originales, o los extractos de ADN obtenidos a partir de las mismas). De nuevo sorprende que más de la mitad de los laboratorios (13 laboratorios) no hagan mención alguna a la custodia de las muestras. Otros 6 laboratorios hacen mención a la custodia de las mismas, pero no definen ni tiempos ni destino. Y tan sólo 2 laboratorios especifican que los restos de muestras serían devueltos a la autoridad judicial, 2 laboratorios custodiarían las muestras al menos 5 años, 1 sólo laboratorio durante 10 años y 1 único laboratorio

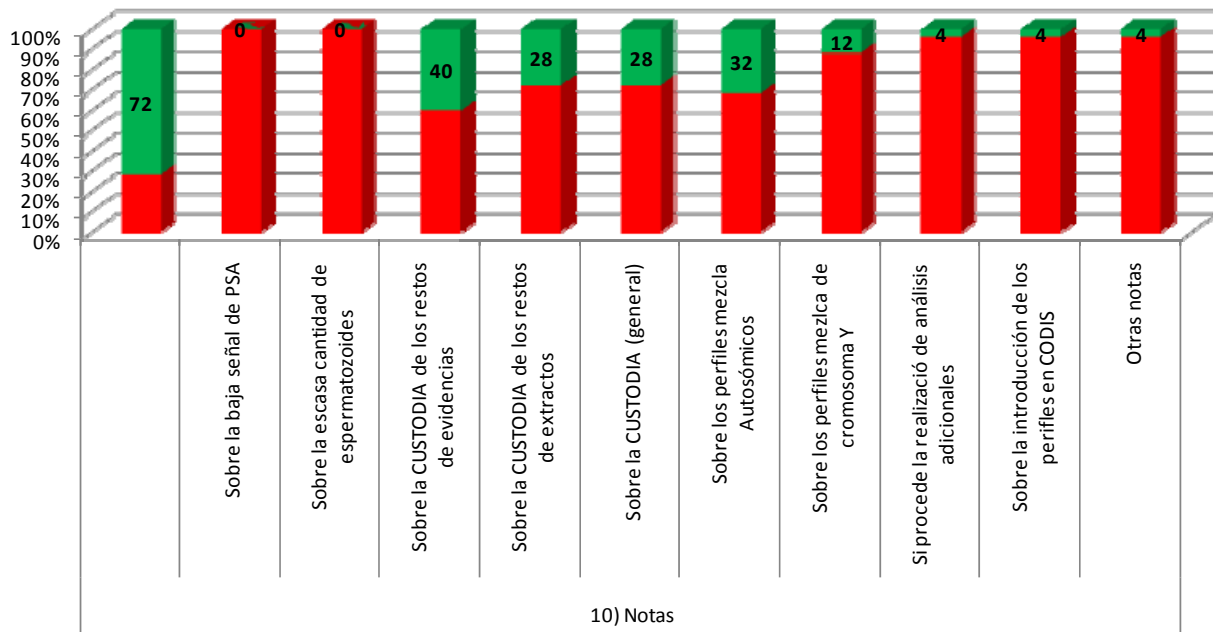
realizarían una custodia indefinida. Sin entrar en los tiempos establecidos y/o el destino dado a los restos, es innegable la importancia de indicar la custodia de los restos de las evidencias, debido a su importancia en el proceso judicial del cual dimanar.

**ANEXO DE CUSTODIA**

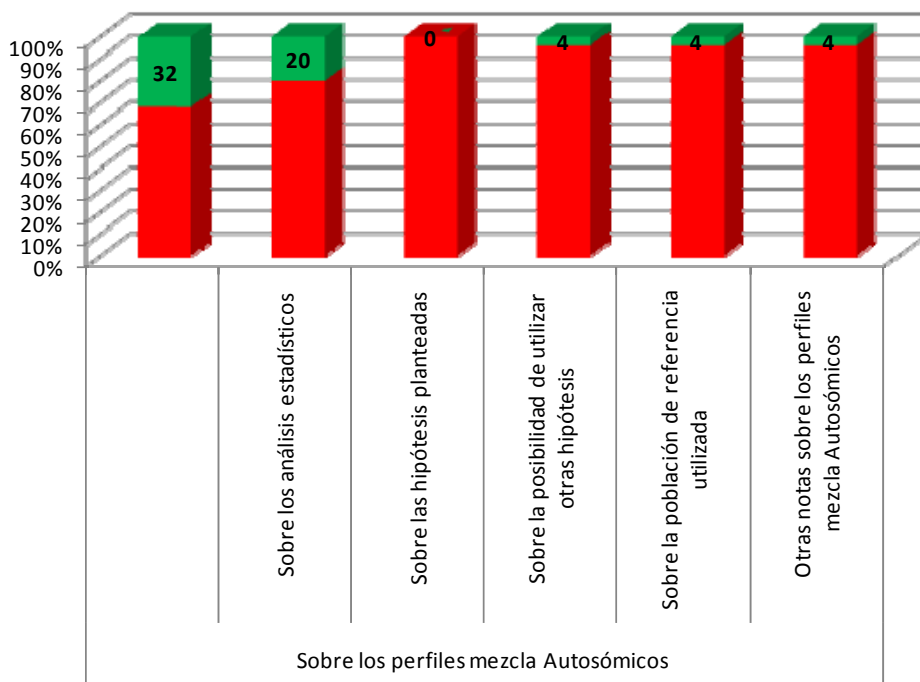


**10) Notas**

Casi tres cuartas partes de los laboratorios (72%) incluyen en sus informes notas adicionales. Como se ha indicado anteriormente, el 40% del total, referidas a la custodia de los restos de las evidencias; el 28%, a la custodia de los restos de extractos; y a la custodia en general, el 28% del total de los laboratorios. Además, algunos laboratorios introducen notas en relación a si proceden análisis adicionales (4%, 1 laboratorio), sobre la introducción de los perfiles en la base de datos CODIS (4%), u otros tipos de notas (4%), sobre la validación de los procedimientos empleados o sobre los peritos-técnicos que han llevado a cabo los análisis y que firman el informe correspondiente.

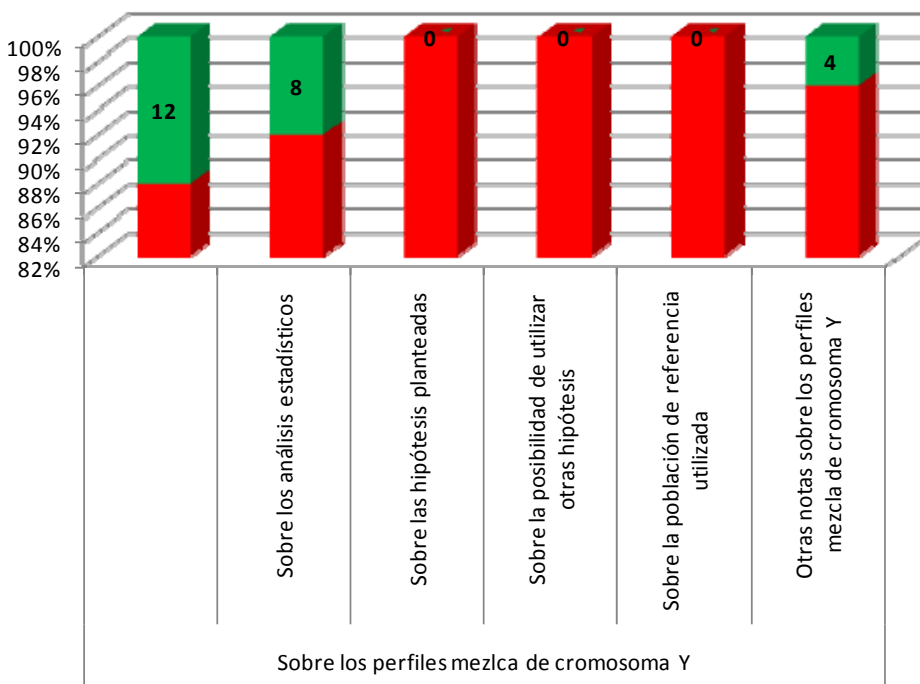


**10.1) Notas. Sobre los perfiles mezcla Autosómicos**

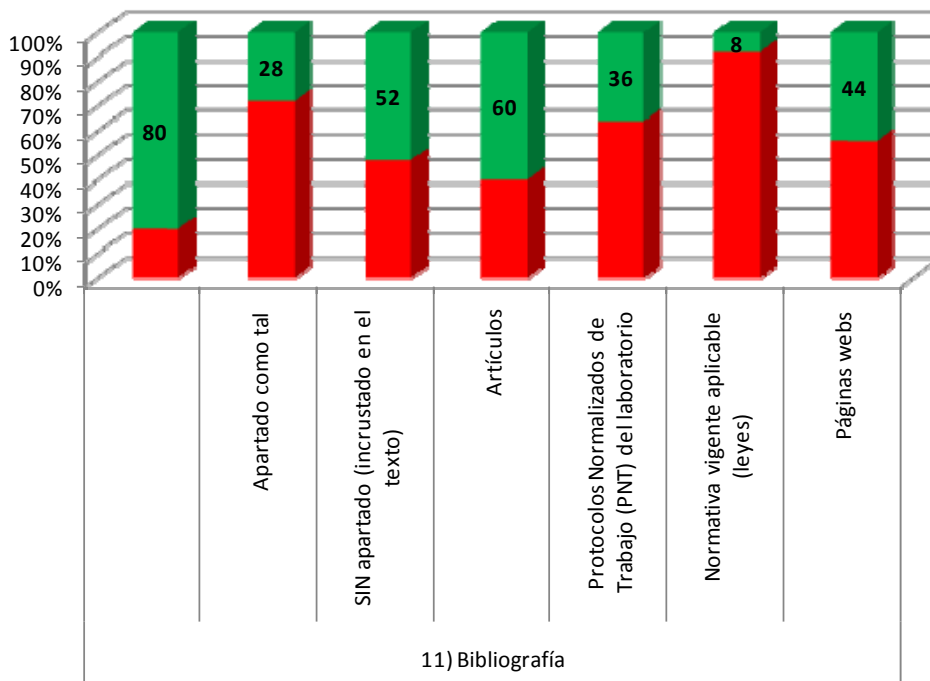


Por otro lado, se ha de destacar que un 32% incluyen notas sobre los perfiles mezcla autosómicos, y un 12% sobre los de cromosoma Y. Con respecto a las notas de perfiles mezcla de marcadores autosómicos, este tipo de notas se refieren a los análisis estadísticos aplicados (20% de los casos), y algunos laboratorios indican la posibilidad de utilizar otras hipótesis (4%), hacen mención a la población de referencia utilizada (4%) u otro tipo de notas que hablan sobre la composición alélica de la mezcla y que ponen de manifiesto su complejidad (4%). En el caso de las notas sobre la mezcla de cromosoma Y (12%), un 8% del total se refieren a aspectos estadísticos, o sobre la composición alélica de la misma (4%).

**10.2) Notas. Sobre los perfiles mezcla de cromosoma Y**

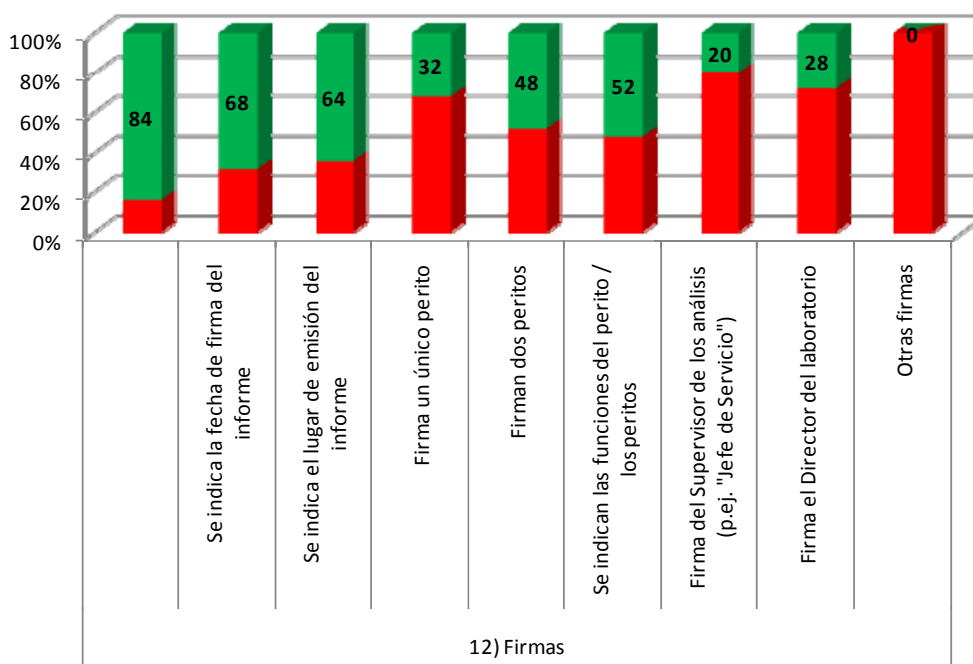


**11) Bibliografía**



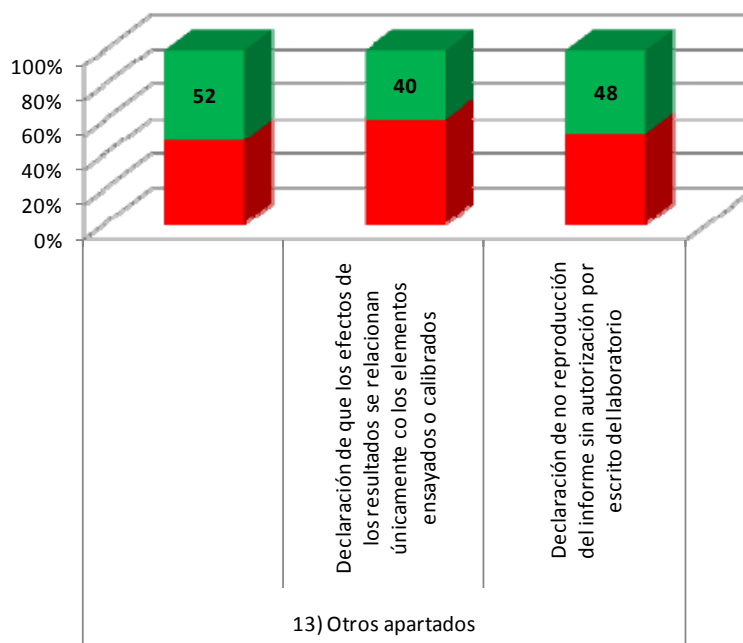
El 80% de los laboratorios participantes incluyen en sus informes referencias bibliográficas, como así recomienda la CNUFADN (2015). El 28% de los laboratorios incluyen un apartado como tal, mientras que el 52% restante, añaden las citas a lo largo del cuerpo del informe. Así, el 60% de los participantes incluyen artículos científicos, el 36% hacen mención a sus procedimientos internos, un 8% hacen referencia a normativa vigente y casi la mitad (44%), incluyen páginas webs, por ejemplo de bases de datos (p.ej. YHRD).

**12) Firmas**



Sorprendentemente, no todos los informes incluyen las firmas de los peritos que han realizado el informe, como así indica la norma ISO 17025 (punto 5.10.2, apartado j). Lo hacen la gran mayoría, 84% de los laboratorios participantes. En este punto, el 68% del total señala la fecha de la firma, y un 64% el lugar de emisión del informe. Poco más de la mitad de los informes remitidos (52%), indican las funciones de los peritos firmantes (ISO 17025, punto 5.10.2, apartado j). Por otro lado, la Legislación Española (LECr, artículo 459), exige que “todo reconocimiento pericial se hará por dos peritos”. Sólo el 48% (12 laboratorios) del total de los informes remitidos están firmados por 2 peritos. Quizás este particular sorprenda menos, ya que 12 laboratorios eran españoles, y por tanto, todos ellos estarían cumpliendo la Legislación Española. Desconocemos las legislaciones particulares del resto de los países participantes a este respecto (3 de Portugal, 3 de Argentina, 2 de Chile, 2 de Italia, 1 de Colombia, 1 de República Dominicana, 1 de República Checa).

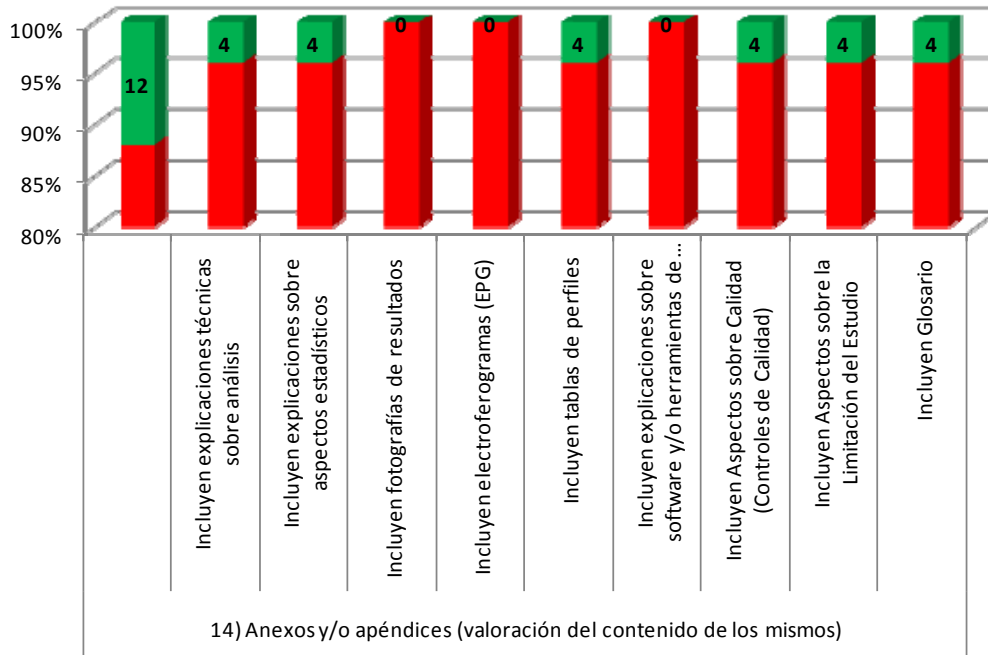
### 13) Otros apartados



La norma ISO 17025, en su punto 5.10.2, apartado k, recomienda que cuando corresponda, se deberá incluir “una declaración de que los resultados sólo están relacionados con los ítems ensayados o calibrados”. Además, en su Nota 2, recomienda a los laboratorios “incluir una declaración indicando que no se debe reproducir el informe de ensayo o el certificado de calibración, excepto en su totalidad, sin la aprobación escrita del laboratorio”. A este respecto, sólo el 40% de los informes remitidos incluyen la primera declaración, y sólo el 48% de los informes introducen la declaración de no reproducción total o parcial.

### 14) Anexos y/o apéndices (valoración del contenido de los mismos)

Y por último, como se indicó en párrafos previos, sólo 3 laboratorios (12%) introducen anexos como tales. En estos, un laboratorio (4%), incluyen explicaciones técnicas sobre los análisis. Ese mismo laboratorio además incluye explicaciones sobre aspectos estadísticos, así como sobre controles de calidad o sobre las limitaciones del estudio. Otro laboratorio (4%) incluye en los anexos las tablas de los perfiles, y otro laboratorio (4%) incluyen en este punto el glosario.



## Referencias recomendadas

- Coble M.D., Buckleton J., Butler J.M., Egeland T., Fimmers R., Gill P., Gusmão L., Guttman B., Krawczak M., Morling N., Parson W., Pinto N., Schneider P.M., Sherry S.T., Willuweit S., Prinz M. (2016). DNA Commission of the International Society for Forensic Genetics: Recommendations on the validation of software programs performing biostatistical calculations for forensic genetics applications. *Forensic Sci Int: Genet.* 25:191–197.
- Council framework Decision 2009/905/JHA of 30 November 2009 on Accreditation of forensic service providers carrying out laboratory activities. (Official Journal of the European Union L 322/14-16, 9th December 2009). Disponible en: <http://eur-lex.europa.eu/LexUriServ/LexUriServ.do?uri=OJ:L:2009:322:0014:0016:EN:PDF>
- CNUFADN (2015). Recomendaciones sobre el informe pericial y la expresión de resultados en materia de análisis genéticos forenses. (Documento aprobado en el Pleno de la Comisión Nacional para el Uso Forense del ADN (CNUFADN) de fecha 27 de octubre de 2015). Disponible en: [https://www.administraciondejusticia.gob.es/paj/PA\\_WebApp\\_SGNTJ\\_NPAJ/descarga/RECOMENDACIONES%20SOBRE%20EL%20INFORME%20PERICIAL%20EN%20GENETICA%20FORENSE\\_2015.pdf?idFile=438e1272-61a8-4c15-9ef5-ffa53a4be58a](https://www.administraciondejusticia.gob.es/paj/PA_WebApp_SGNTJ_NPAJ/descarga/RECOMENDACIONES%20SOBRE%20EL%20INFORME%20PERICIAL%20EN%20GENETICA%20FORENSE_2015.pdf?idFile=438e1272-61a8-4c15-9ef5-ffa53a4be58a)
- de Keijser JW., Malsch M., Luining ET., Kranenbarg MW., Lenssen D.J.H.M. (2016). Differential reporting of mixed DNA profiles and its impact on jurists' evaluation of evidence. An international analysis. *Forensic Sci Int: Genetics* 23:71-82.
- ENFSI (2015). ENFSI Guideline for evaluative reporting in forensic science: Strengthening the Evaluation of Forensic Results across Europe (STEOFRAE). Retrieved 9 November 2015, from European Network of Forensic Science Institutes (ENFSI), <https://www.unil.ch/esc/files/live/sites/esc/files/Fichiers%202015/ENFSI%20Guideline%20Evaluative%20Reporting>
- Gill P., Brenner CH., Buckleton JS., Carracedo A., Krawczak M., Mayr WR., Morling N., Prinz M., Schneider PM., Weir BS. (2006). DNA commission of the International Society of Forensic Genetics: Recommendations on the interpretation of mixtures. *Forensic Sci Int.* 160:90-101.
- Gill P., Gusmão L., Haned H., Mayr WR., Morling N., Parson W., Prieto L., Prinz M., Schneider H., Schneider PM., Weir BS. (2012). DNA commission of the International Society of Forensic Genetics: Recommendations on the evaluation of STR typing results that may include drop-out and/or drop-in using probabilistic methods. *Forensic Sci Int: Genetics* 6(6):679-688.
- ISO/IEC 17025:2005. General requirements for the competence of testing and calibration laboratories. International Standard ISO/IEC 17025.
- Ley de Enjuiciamiento Criminal (promulgada por Real Decreto de 14 de septiembre de 1882). Última modificación de 6 de octubre de 2015.
- Scientific Working Group on DNA Analysis Methods (2010). SWGDAM Interpretation Guidelines for Autosomal STR Typing by Forensic DNA Testing Laboratories (approved 14th January 2010). Disponible en: [http://media.wix.com/ugd/4344b0\\_61b46a0e1a4c41ccb65f719a533b8e29.pdf](http://media.wix.com/ugd/4344b0_61b46a0e1a4c41ccb65f719a533b8e29.pdf)