

Comisiones de Trabajo**Comisión de Trabajo de
*Mezclas de perfiles STRs autosómicos******Ejercicio GHEPMIX7***Manuel Crespillo
Pedro A. Barriomanuel.crespillo@justicia.es
pedro.barrio@justicia.es

Óscar García

ogarcia@seg.euskadi.eus

Carlos Baeza

cbaezaricher@med.ucm.es

Colaboradores:

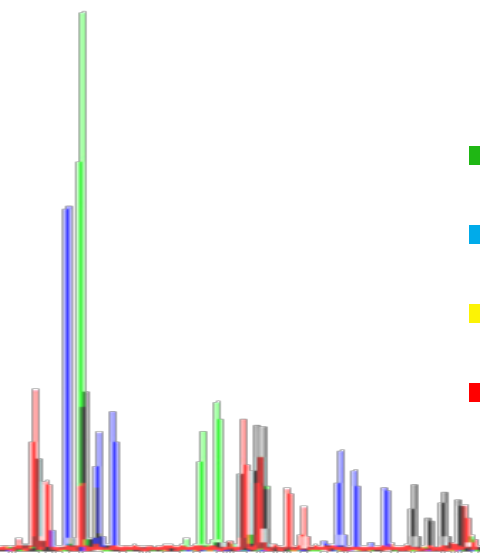
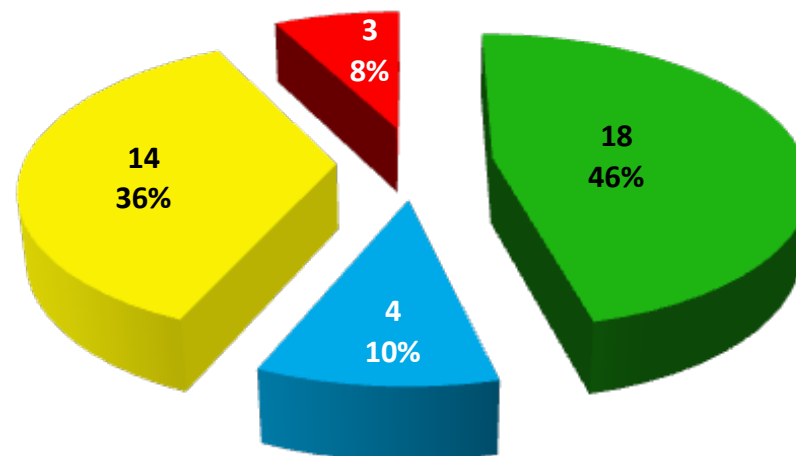
Peter Gill y Lourdes Prieto

Participación

Ejercicio	solicitudes	participación	%
GHEPMIX1	51	32	68%
GHEPMIX2	30	24	77%
GHEPMIX3	29	17	59%
GHEPMIX4	42	33	79%
GHEPMIX5	45	30 (25 Y)	67% (56% Y)
GHEPMIX6	27	25	93%
GHEPMIX7	39	31	80%

Distribución Participantes por Categorías

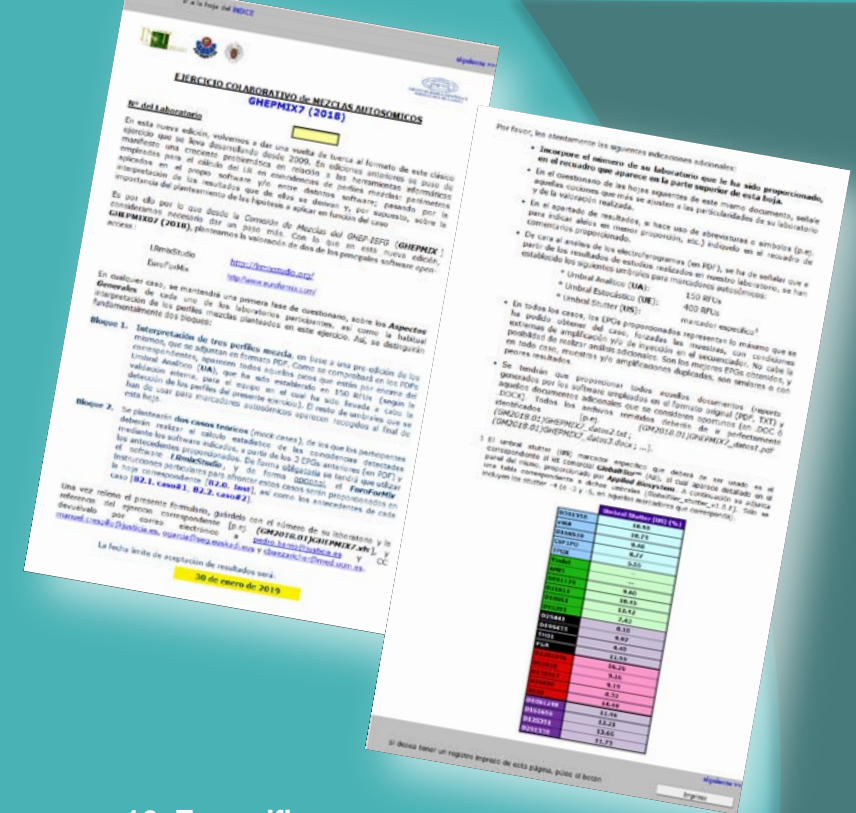
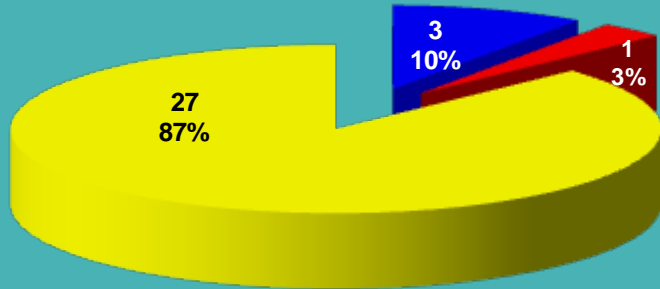
- Labs adscritos a Adm. Justicia
- Labs CC Policiales
- Labs Universidades y Centros Públicos
- Labs privados



Cuestionario

1. Casuística del laboratorio:

■ (01.1) Paternidades ■ (01.2) Forense ■ (01.3) Ambas

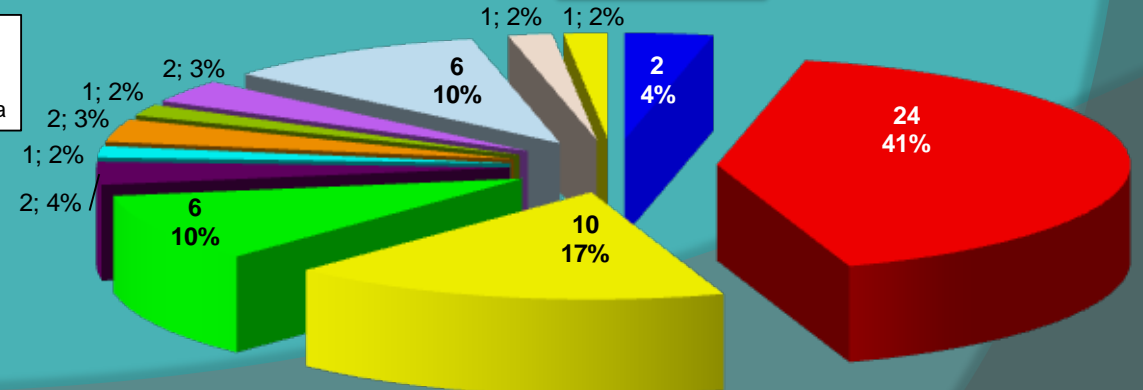
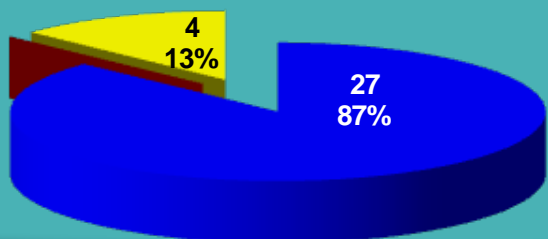


16. Especificar

■ DNAMIX ■ LRmixStudio ■ GFF ■ Lrmezpcr ■ EuroForMix ■ GM-IDXv1.5
 ■ Familias ■ CODIS ■ YHRD ■ propia ■ Carralero (2006) ■ Weir et al (1997)

16. Programa cálculo LR:

■ (16.1) Si
 ■ (16.2) No
 ■ (16.3) Se realiza el cálculo tanto manual como con programa



Cuestionario

LRmixStudio

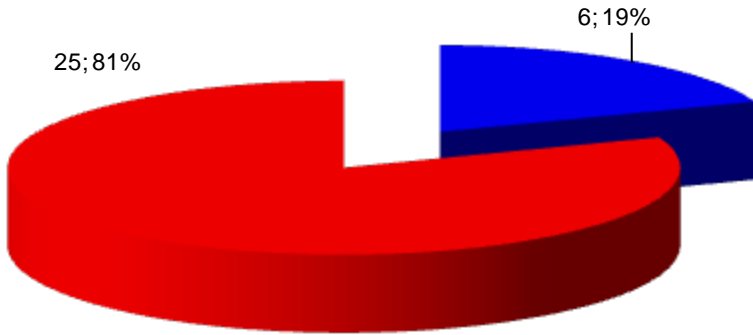
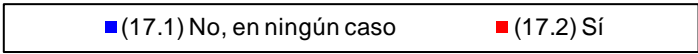
<http://lrmixstudio.org/>

(última versión v2.1.5)

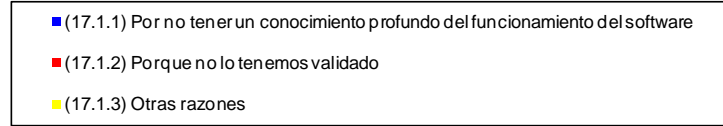


Cuestionario. B1.2. Aspectos Estadísticos – Uso de *LRmixStudio*

17. Usa en la rutina LMS



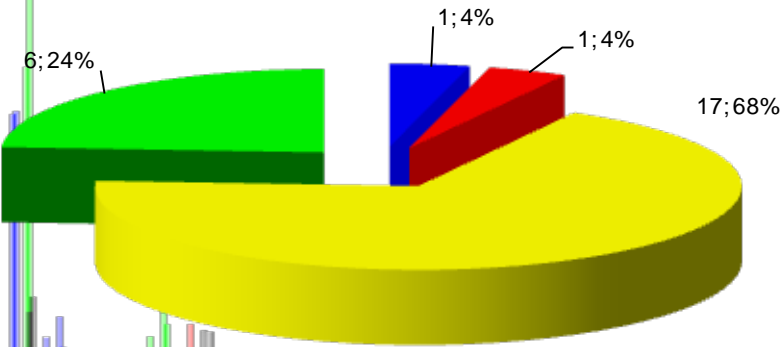
17.1. Justificar:



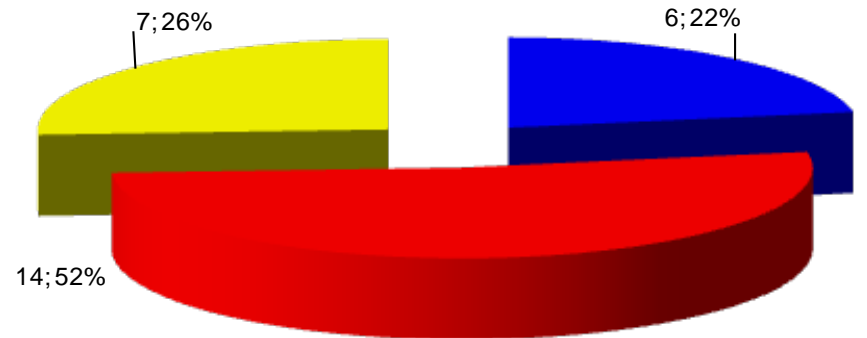
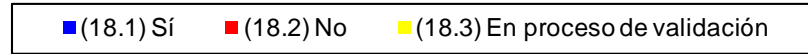
Uso en investigación y/o docencia



17.2. Especificar versión:



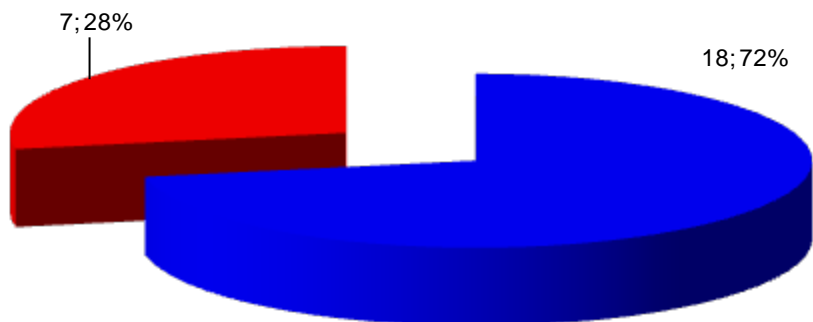
18. Validación LMS



Cuestionario. B1.2. Aspectos Estadísticos – Uso de *LRmixStudio*

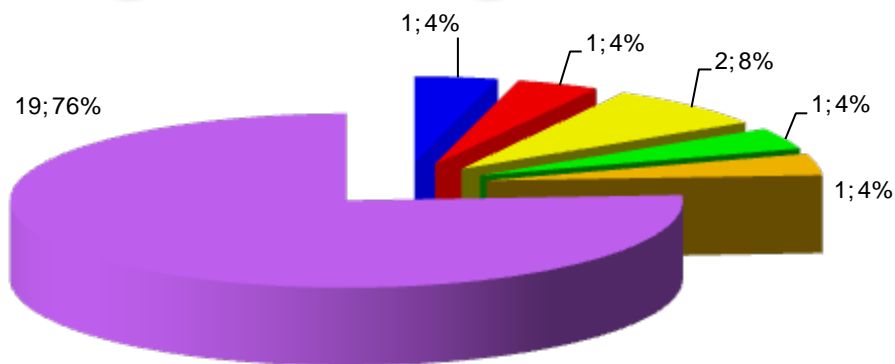
19. Cuándo usa LMS

■ (19.1) En todos los casos ■ (19.2) Sólo en caso de detectar drop-outs



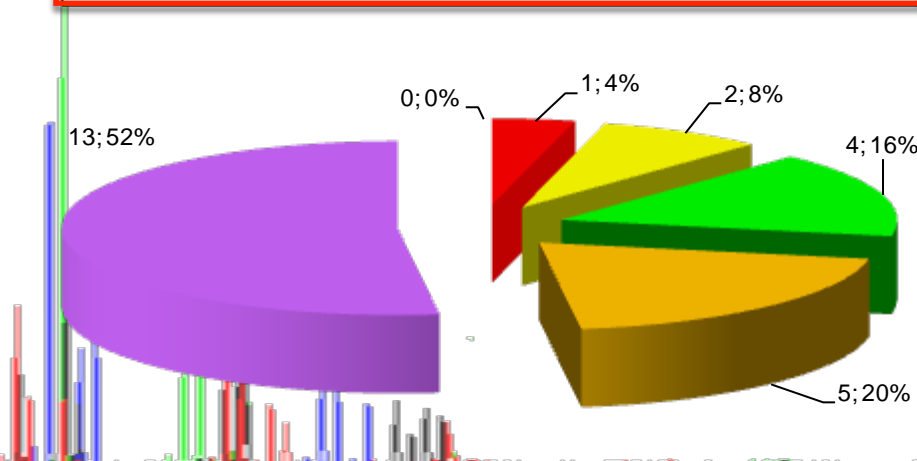
19. Indicar nº max drop-outs

■ 25% ■ 2 ■ 3 ■ 4 ■ 5 ■ No especifica



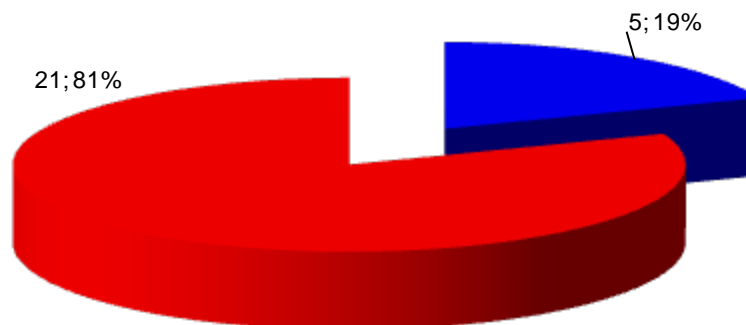
20. Qué valor drop-out usa:

■ (20.1) Prosecution, Minimum (5%) ■ (20.2) Prosecution, Maximum (95%)
 ■ (20.3) Defense, Minimum (5%) ■ (20.4) Defense, Maximum (95%)
 ■ (20.5) Overall, Minimum (5%) ■ (20.6) Overall, Maximum (95%)



21. Drop-out en componentes

■ (21.1) Sobre todos los componentes de las hipótesis
 ■ (21.2) Sólo sobre el componente cuyo perfil presenta drop-outs



Cuestionario. B1.2. Aspectos Estadísticos – Uso de *LRmixStudio*

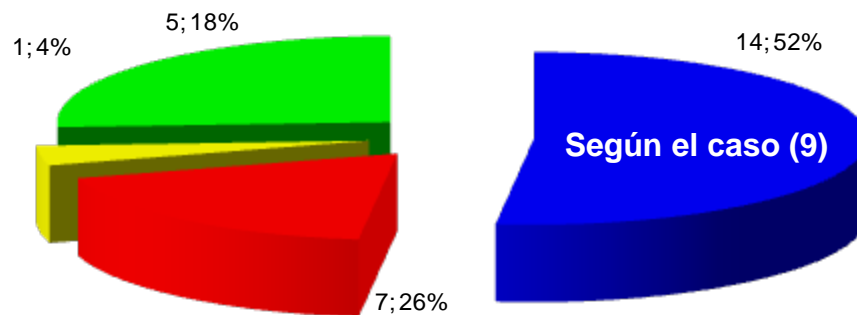
22. Valor de drop-in

- (22.1) Ninguno
- (22.2) El que proporcionado por defecto el software (0.05)
- (22.3) El obtenido internamente en nuestro laboratorio



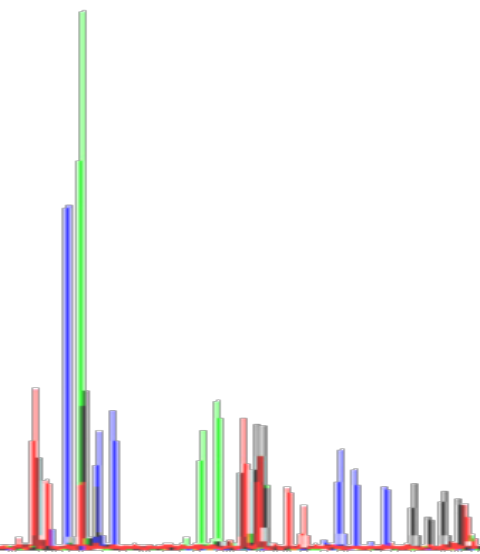
23. Corrección Theta

- (23.1) Ninguno
- (23.2) El que proporcionado por defecto el software (0.01)
- (23.3) Otro
- (23.4) En función del caso



24. "Non-contributor test"

- (24.1) Sí
- (24.2) No

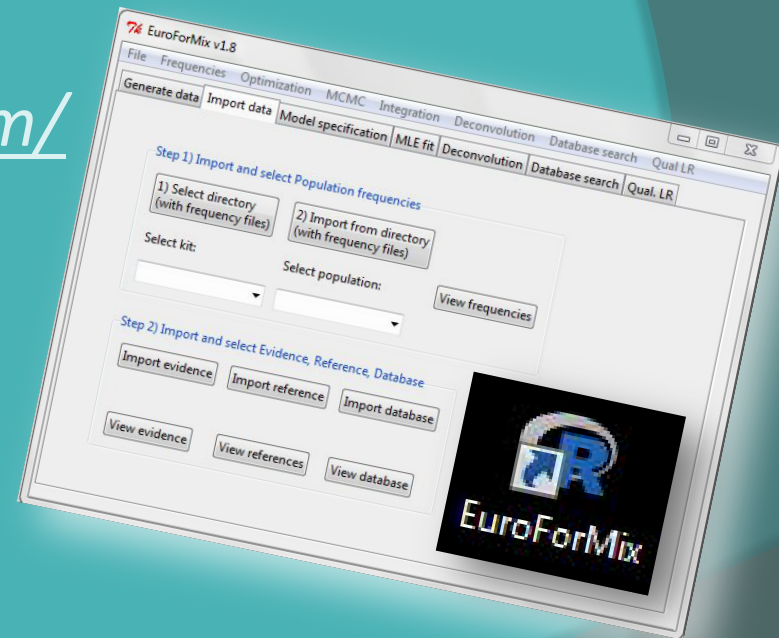


Cuestionario

EuroForMix

<http://www.euroformix.com/>

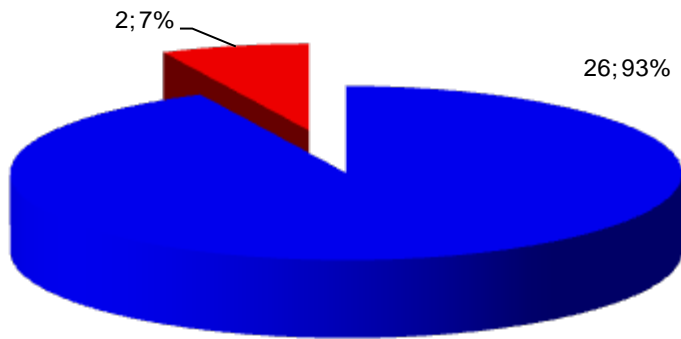
(última versión v2.2.1)



Cuestionario. B1.2. Aspectos Estadísticos – Uso de *EuroForMix*

25. Usa en la rutina EFM

■ (25.1) No, en ningún caso ■ (25.2) Sí



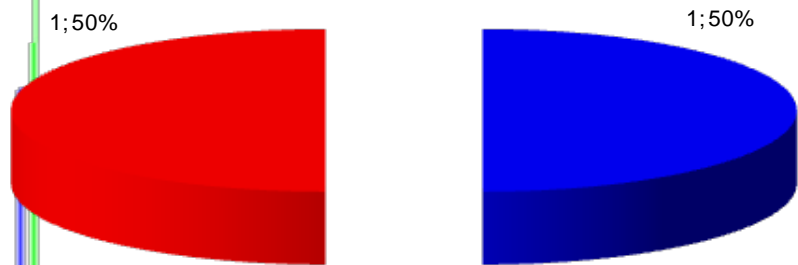
25.1. Justificar:

■ (25.1.1) Por no tener un conocimiento profundo del funcionamiento del software
 ■ (25.1.2) Porque no lo tenemos validado
 ■ (25.1.3) Otras razones



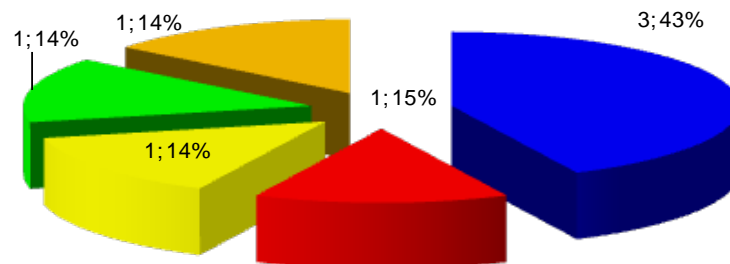
25.2. Especificar versión:

■ 1.11.4 ■ 2.0.3



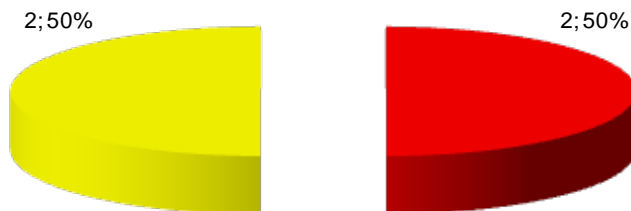
25.1.3. Especificar razones:

■ No formación ■ No valoran mezclas ■ Criterios uso/ No validado
 ■ Investigación /Docencia ■ No probado



26. Validación EFM

■ (26.1) Sí ■ (26.2) No ■ (26.3) En proceso de validación

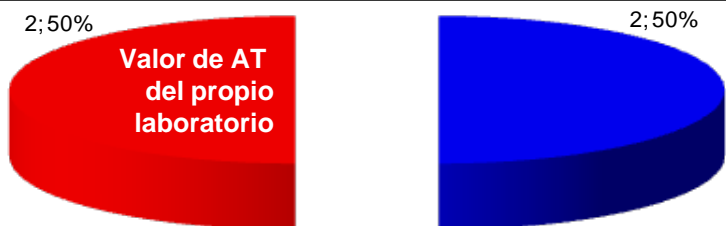


Cuestionario. B1.2. Aspectos Estadísticos – Uso de *EuroForMix*

Son pocos los que lo usan.... de estos....

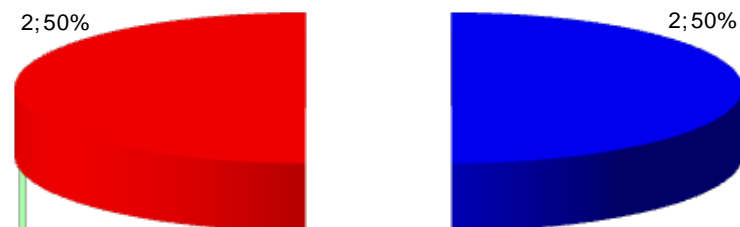
28. Ajustes EFM

- (28.1) Los proporcionados por defecto en el software
- (28.2) Otros



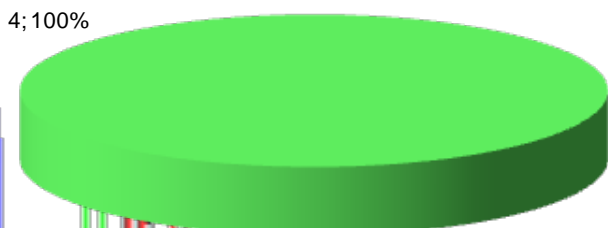
29. Valor drop-in:

- (29.1) Ninguno
- (29.2) El obtenido internamente en nuestro laboratorio



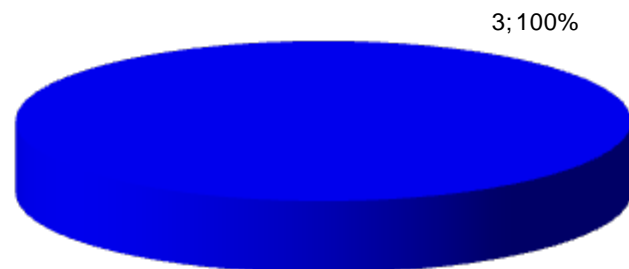
30. Opciones del "modelo":

- (30.1) Ninguno
- (30.2) Sólo "degradación"
- (30.3) Sólo "stutter"
- (30.4) Tanto "degradación" como "stutter"



27. Cuando usa EFM

- (27.1) En todos los casos
- (27.2) Sólo en caso de detectar drop-outs



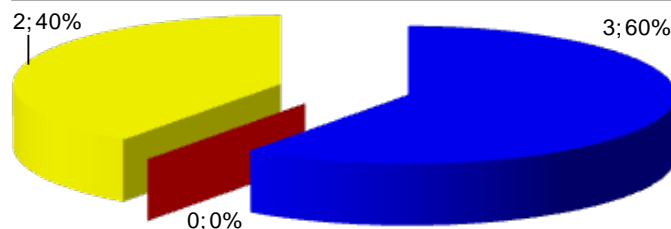
31. Calculo usado:

- (31.1) LR continuo (Maximum Likelihood based)
- (31.2) LR continuo (Baysian based)
- (31.3) LR cualitativo (semi-continuo)
- (31.4) Varios

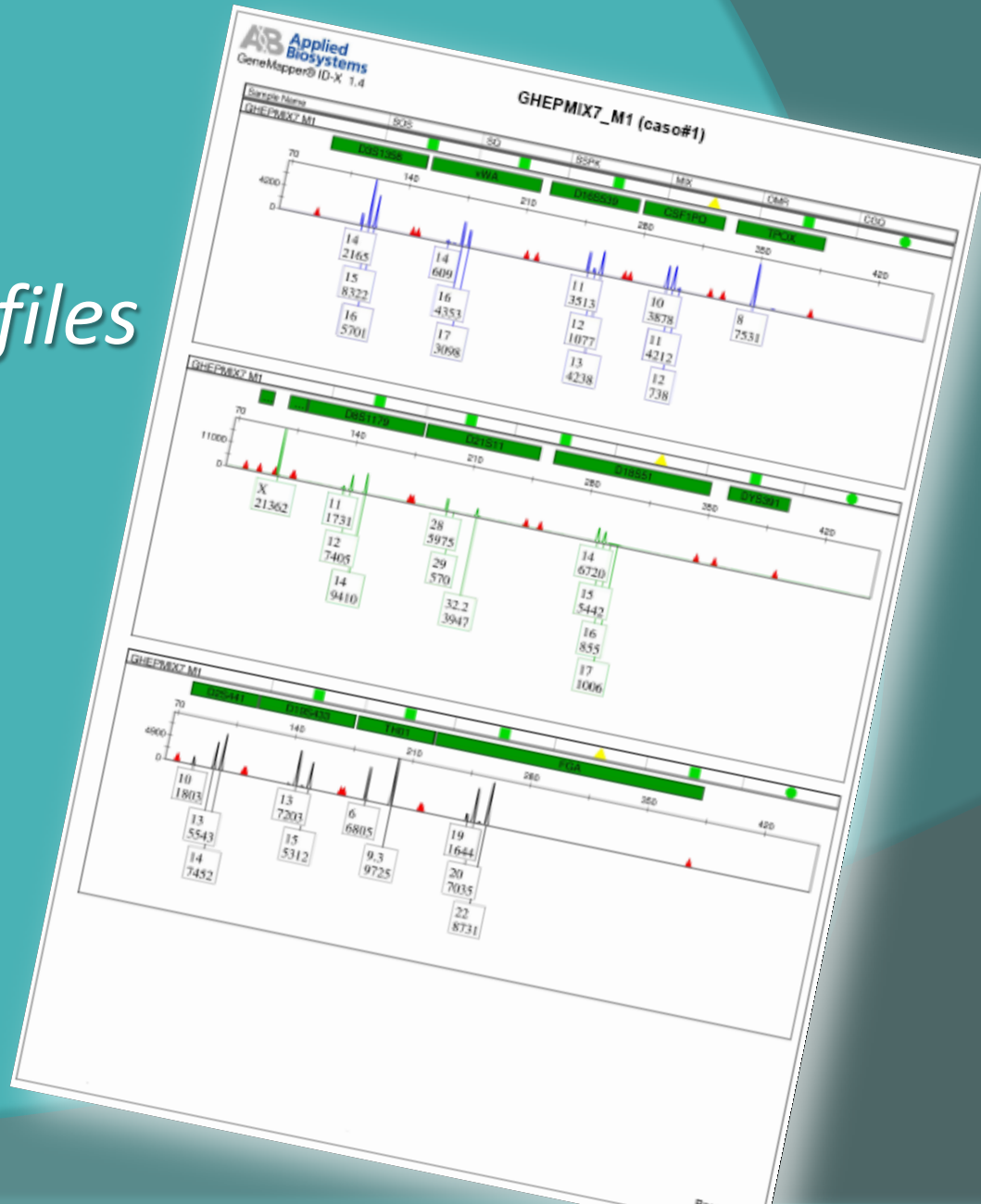


32. Parámetros adicionales del modelo:

- (32.1) No, por desconocimiento de su significado
- (32.2) No, por considerarlos innecesarios
- (32.3) Si



Resultados Edición de Perfiles



Cuestionario. B1.3. Resultados – Edición de Perfiles

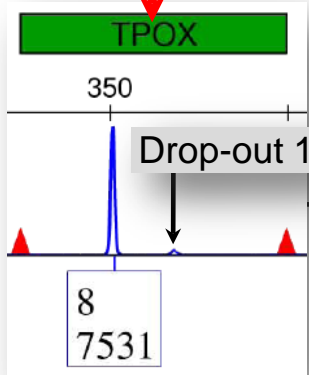
17. Valoración de constituyentes de la mezcla – mezcla M1

nº lab	D3S1358	vWA	D16S539	CSF1PO	TPOX	D8S1179	D21S11	D18S51	D2S441	D19S433	TH01	FGA	D22S1045	D5S818	D13S317	D7S820	SE33	D10S1248	D1S1656	D12S391	D2S1338	
GM2018.02																						
GM2018.03																						
GM2018.04																						
GM2018.05																						
GM2018.06																						
GM2018.07																						
GM2018.09																						
GM2018.10																						
GM2018.11																						
GM2018.12																						
GM2018.13																						
GM2018.14																						
GM2018.15																						
GM2018.16																						
GM2018.17																						
GM2018.19																						
GM2018.20																						
GM2018.21																						
GM2018.23																						
GM2018.24																						
GM2018.25																						
GM2018.26																						
GM2018.27																						
GM2018.28																						
GM2018.29																						
GM2018.30																						
GM2018.31																						
GM2018.34																						
GM2018.36																						
GM2018.37																						
GM2018.39																						

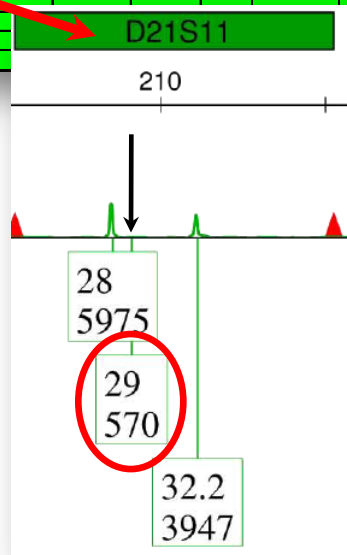
Reporte de perfil mezcla caso #1	n	%
Sólo en informe pericial	15	48%
Sólo en BD	2	6%
Tanto en informe pericial como en BD	13	42%
Ni en informe pericial ni en BD	1	3%
	31	100%

Sólo 2 labs no registrarían el TPOX

Alelos correctos
 Muestran dudas
 Drop-out



8
V: 8
S: 8, 11



28, 29, 32.2
V: 28, 32.2
S: 28, 29

Cuestionario. B1.3. Resultados – Edición de Perfiles

17. Valoración de constituyentes de la mezcla – mezcla M2.1

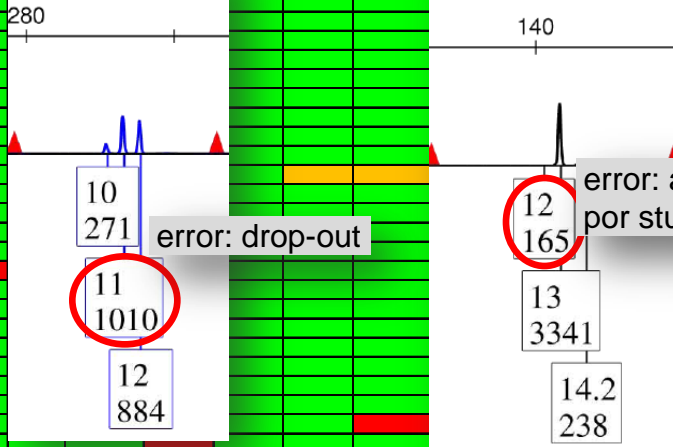
Alelos correctos
 Incluye stutters (señalizados)
 Drop-out / Drop-in

nº lab	D3S1358	VWA	D16S539	CSF1PO	TPOX	D8S1179	D21S11	D18S51	D2S441	D19S433	TH01	FGA	D22S1045	D5S818	D13S317	D7S820	SE33	D10S1248	D1S1656	D12S391	D2S1338	
GM2018.02																						
GM2018.03																						
GM2018.04																						
GM2018.05																						
GM2018.06																						
GM2018.07																						
GM2018.09																						
GM2018.10																						
GM2018.11																						
GM2018.12																						
GM2018.13																						
GM2018.14																						
GM2018.15																						
GM2018.16																						
GM2018.17																						
GM2018.19																						
GM2018.20																						
GM2018.21																						
GM2018.23																						
GM2018.24																						
GM2018.25																						
GM2018.26																						
GM2018.27																						
GM2018.28																						
GM2018.29																						
GM2018.30																						
GM2018.31																						
GM2018.34																						
GM2018.36																						
GM2018.37																						
GM2018.39																						

CSF1PO

D19S433

error: alelo por stutter



D16S539

D21S11

D12S391

Drop-out 9

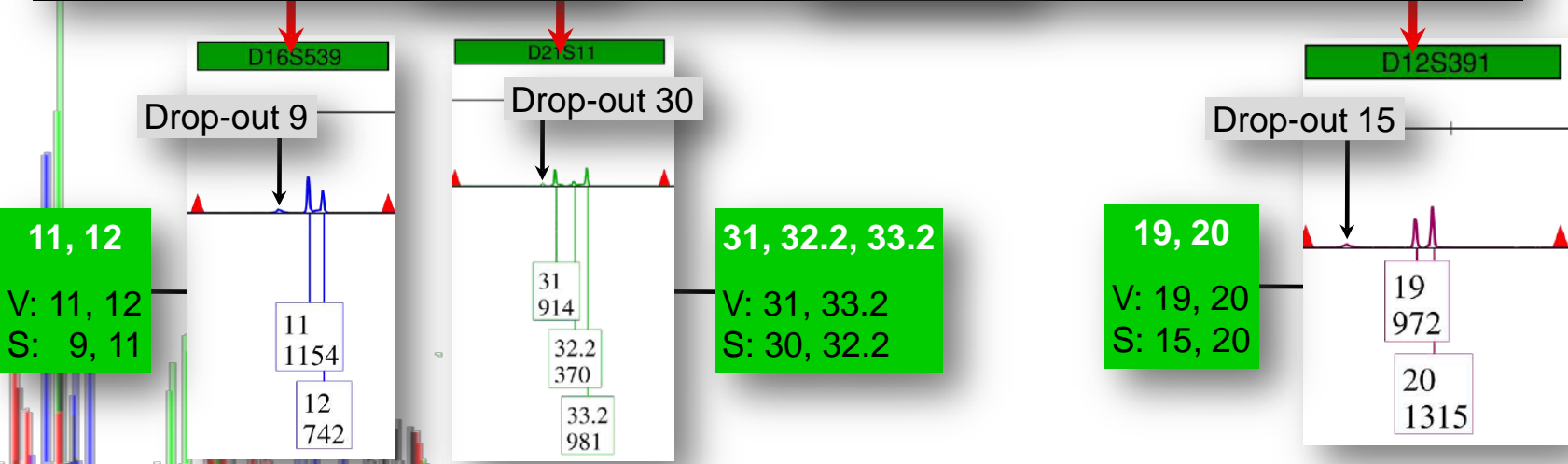
Drop-out 30

Drop-out 15

11, 12
V: 11, 12
S: 9, 11

31, 32.2, 33.2
V: 31, 33.2
S: 30, 32.2

19, 20
V: 19, 20
S: 15, 20

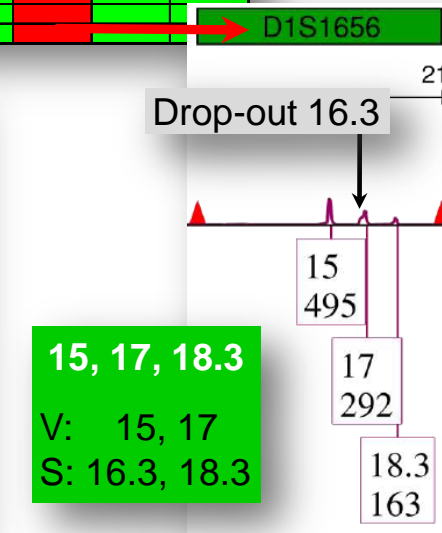
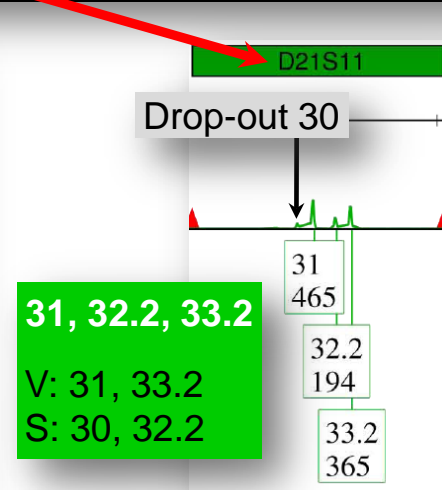
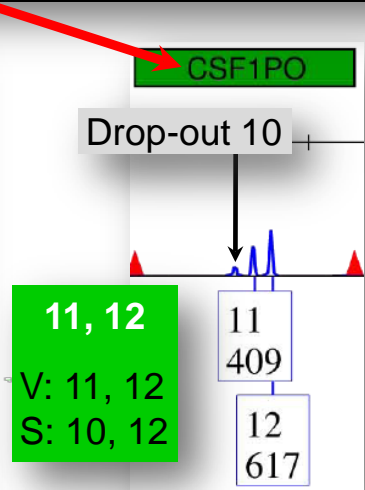
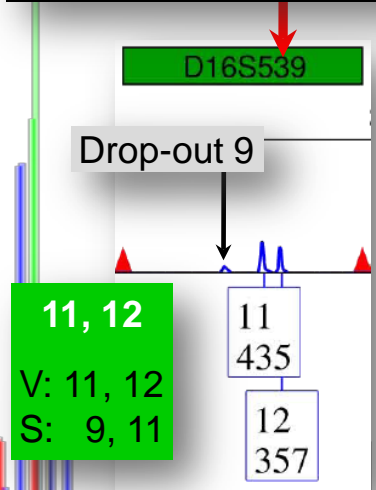
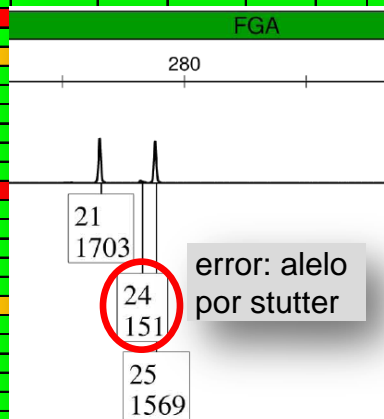


Cuestionario. B1.3. Resultados – Edición de Perfiles

17. Valoración de constituyentes de la mezcla – mezcla M2.2

Alelos correctos
 Incluye stutters (señalizados)
 Drop-out / Drop-in

nº lab	D3S1358	VWA	D16S539	CSF1PO	TPOX	D8S1179	D21S11	D18S51	D2S441	D19S433	TH01	FGA	D22S1045	D5S818	D13S317	D7S820	SE33	D10S1248	D1S1656	D12S391	D2S1338	
GM2018.02																						
GM2018.03																						
GM2018.04																						
GM2018.05																						
GM2018.06																						
GM2018.07																						
GM2018.09																						
GM2018.10																						
GM2018.11																						
GM2018.12																						
GM2018.13																						
GM2018.14																						
GM2018.15																						
GM2018.16																						
GM2018.17																						
GM2018.19																						
GM2018.20																						
GM2018.21																						
GM2018.23																						
GM2018.24																						
GM2018.25																						
GM2018.26																						
GM2018.27																						
GM2018.28																						
GM2018.29																						
GM2018.30																						
GM2018.31																						
GM2018.34																						
GM2018.36																						
GM2018.37																						
GM2018.39																						



Cuestionario. B1.3. Resultados – Edición de Perfiles

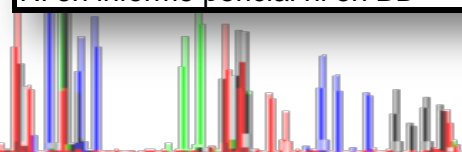
18. Perfil en INFORME / Base de Datos – mezclas M2.1 y M2.2

Alelos correctos
 Drop-out / Drop-in
 No reportan alelos

nº lab	D3S1358	VWA	D16S539	CSF1PO	TPOX	D8S1179	D21S11	D18S51	D2S441	D19S433	TH01	FGA	D22S1045	D5S818	D13S317	D7S820	SE33	D10S1248	D1S1656	D12S391	D2S1338	
GM2018.02																						
GM2018.03																						
GM2018.04																						
GM2018.05																						
GM2018.06																						
GM2018.07																						
GM2018.09																						
GM2018.10																						
GM2018.11																						
GM2018.12																						
GM2018.13																						
GM2018.14																						
GM2018.15																						
GM2018.16																						
GM2018.17																						
GM2018.19																						
GM2018.20																						
GM2018.21																						
GM2018.23																						
GM2018.24																						
GM2018.25																						
GM2018.26																						
GM2018.27																						
GM2018.28																						
GM2018.29																						
GM2018.30																						
GM2018.31																						
GM2018.34																						
GM2018.36																						
GM2018.37																						
GM2018.39																						

Reporte de perfil mezcla caso #2	n	%
Sólo en informe pericial	17	55%
Sólo en BD	2	6%
Tanto en informe pericial como en BD	11	35%
Ni en informe pericial ni en BD	1	3%
	31	100%

Caso #2. Generación de "composite"	n	%
Se genera composite	9	29%
Sólo se reporta la mezcla M2.1	17	55%
Sólo se reporta la mezcla M2.2	0	0%
Se reportan ambas mezclas por separado	4	13%
Ninguna	1	3%
	31	100%



Resultados

Caso #1

Antecedentes del caso #1:

En un caso de presunto homicidio, una mujer fue encontrada en su domicilio, tendida en el suelo del salón con aparentes marcas en el cuello de haber sido asfixiada. Durante la autopsia, el médico forense confirma las sospechas iniciales, indicando que la causa del fallecimiento ha sido asfixia mecánica, encontrando marcas amarillentas en el cuello que le hacen pensar que la asfixia fue manual. Realiza un hisopado de todo el cuello, remitiendo el mismo al laboratorio de análisis, junto con un tubo de sangre con EDTA de la víctima.

Durante las pesquisas policiales, los vecinos interrogados dicen que vieron salir a una mujer corriendo del domicilio de la víctima. Uno de ellos indica que conocía a dicha mujer, identificándola como la pareja de la víctima. Al cabo de los días localizan a la sospechosa, tomándole muestra de hisopo bucal, que remiten al mismo laboratorio de análisis junto con el consentimiento informado de la toma de muestras.

Después del análisis genético del hisopado del cuello, se detecta una mezcla (muestra 1). El juez solicita saber si la sospechosa ha contribuido a la mezcla.

Los perfiles genéticos tanto de la sospechosa como de la víctima aparecen recogidos en las tablas siguientes.

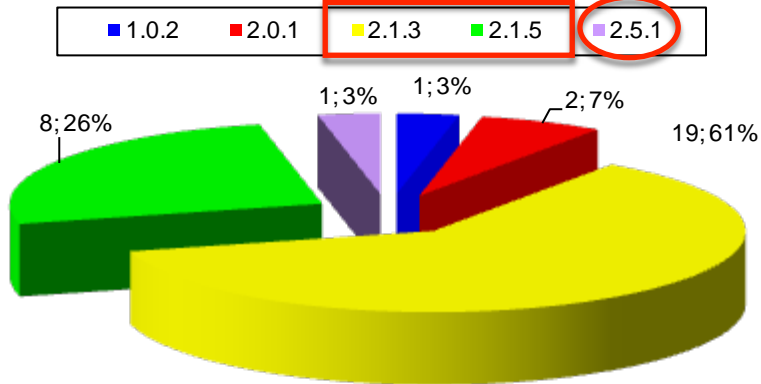
Se plantean las hipótesis:

Hp: Al perfil mezcla obtenido han contribuido tanto la víctima como la sospechosa (V + S).

Hd: perfil mezcla corresponde a la víctima y a una desconocida (V + U).

B2.1. Tratamiento Estadístico – Caso #1. LRmixStudio

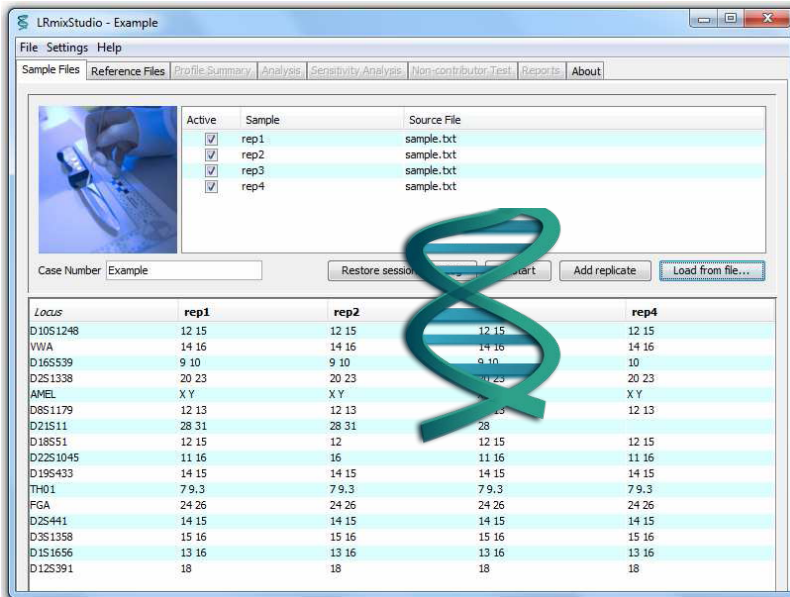
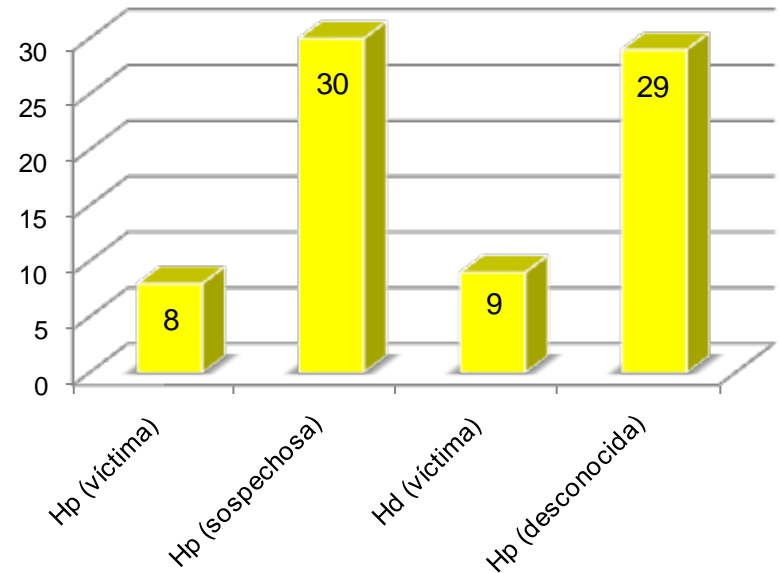
Versión LRmixStudio ?



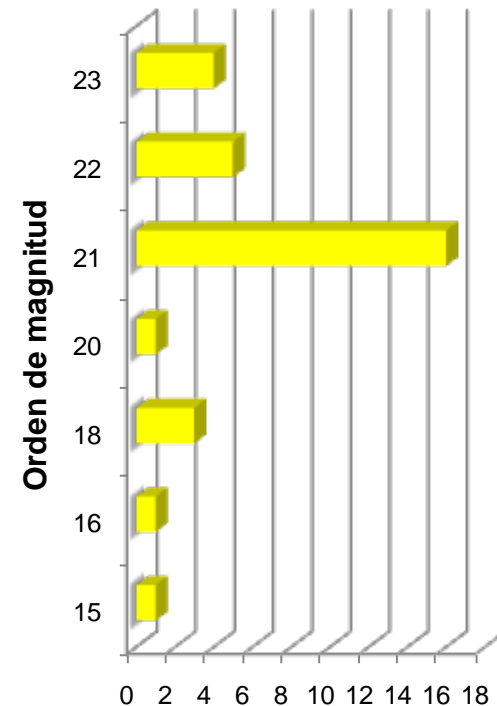
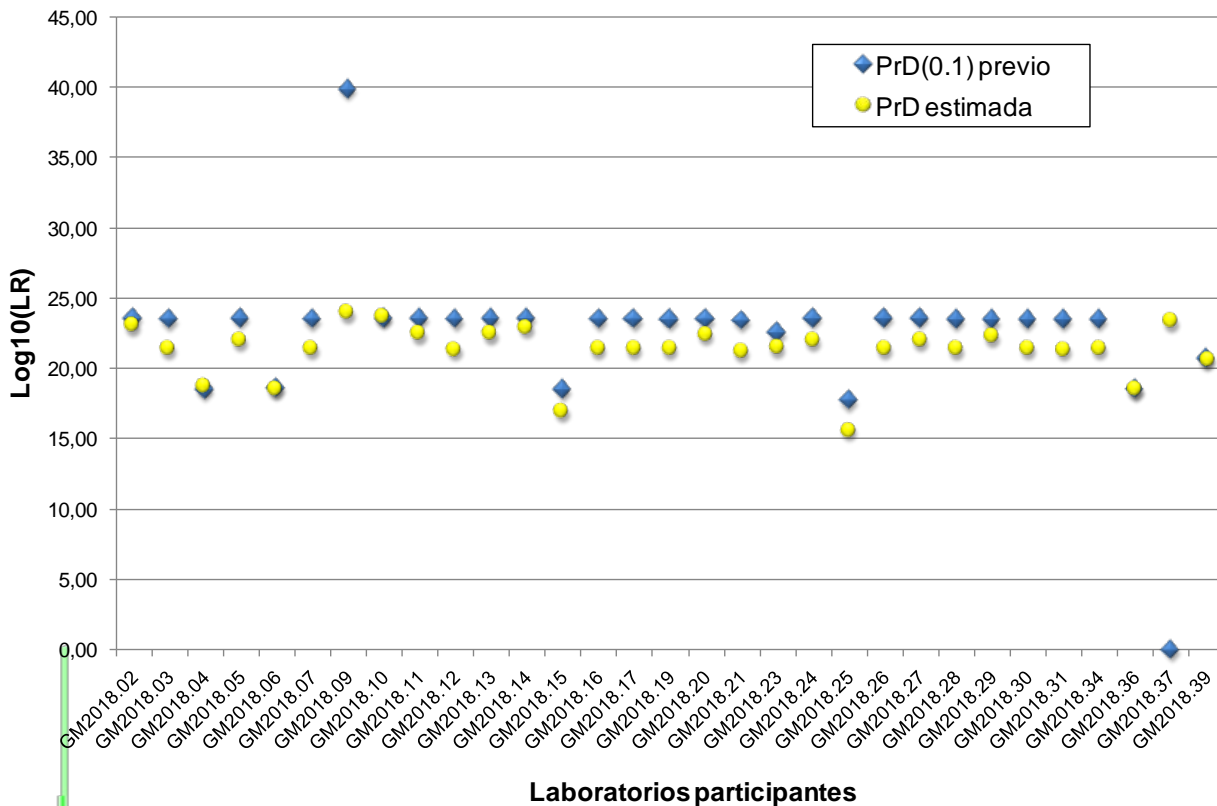
Probabilidad de drop-out estimada

	PrD (general / Hp)	PrD (en Hd)
n	31	2
media	0.27	0.15
d.s.	0.13	0.07
min	0.01	0.10
Max	0.42	0.20

Sobre qué componentes de las hipótesis aplicaría la PrD estimada



B2.1. Tratamiento Estadístico – Caso #1. *LRmixStudio*



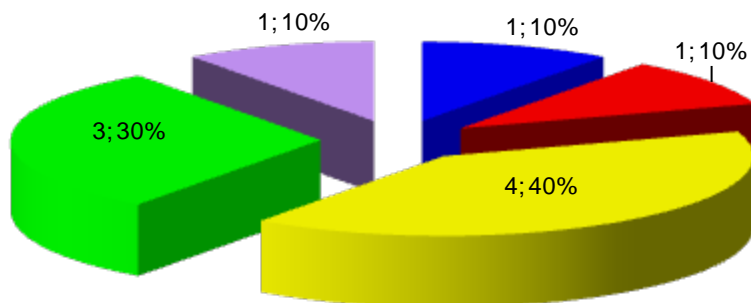
Versiones	n	media	d.s.	min	Max	T-Student (p)
1.0.2	1	3.3806E+18	NA	NA	NA	0.1763
2.0.1	2	1.0410E+23	1.4721E+23	6.3973E+18	2.0819E+23	
2.1.3	19	1.1531E+22	2.4750E+22	4.8241E+15	1.0786E+23	
2.1.5	9	1.5536E+23	2.9056E+23	2.1530E+21	8.2877E+23	

B2.1. Tratamiento Estadístico – Caso #1. EuroForMix

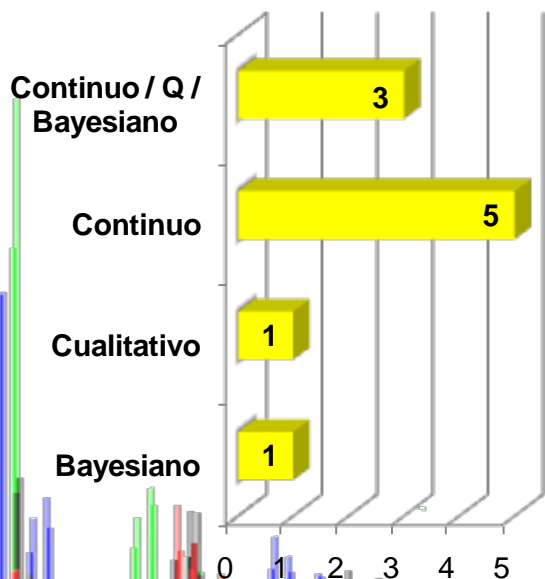
Model options: **Degradation YES**
Stutter NO

6/10

Versión EuroForMix

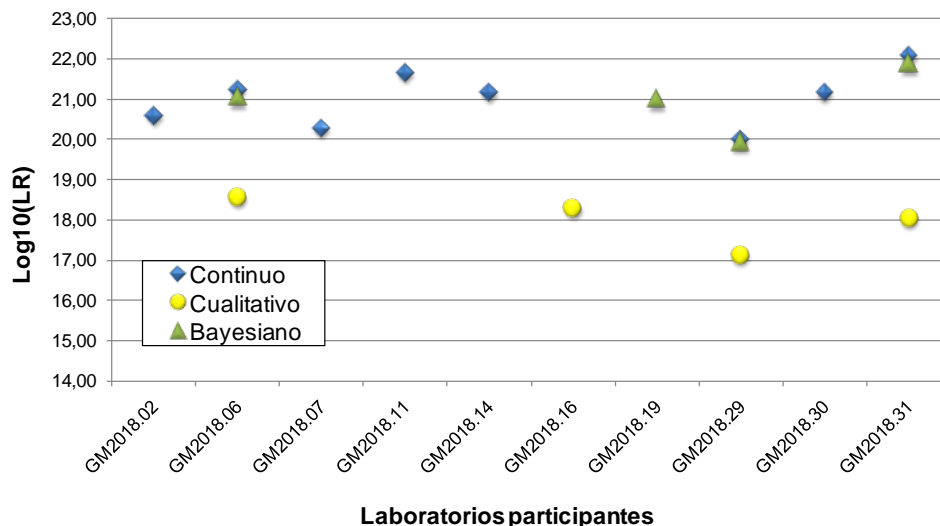


Método Probabilístico usado



Método	n	media	d.s.	min	Max
Continuo	8	2.727E+21	4.050E+21	9.873E+19	1.214E+22
Cualitativo	4	1.708E+18	1.534E+18	1.351E+17	3.748E+18
Bayesiano	4	2.416E+21	3.395E+21	8.706E+19	7.461E+21

Métodos	T-Student (p)
continuo-cualitativo	0.0987
continuo-bayesiano	0.8923
cualitativo-bayesiano	0.2502



Diferencias entre versiones – Método Continuo

Versiones	n	media	d.s.	min	Max	T-Student (p)
1.11.4	1	4.4488E+21	NA	NA	NA	0.8639
2.0.2	1	1.2138E+22	NA	NA	NA	
2.0.3	4	9.2260E+20	7.5083E+20	1.8290E+20	1.6858E+21	
2.0.4	2	7.6967E+20	9.4884E+20	9.8731E+19	1.4406E+21	

Resultados

Caso #2

Antecedentes del caso #2:

En un caso de presunta agresión sexual, la víctima declara haber sido violada por un único agresor mediante penetración vaginal, pero no recuerda si el violador usó algún método profiláctico. Durante el reconocimiento, el médico forense toma un hisopo vaginal a la víctima (muestra 2), que remite al laboratorio de análisis junto con la ropa interior de la víctima, un tanga (muestra 3), y un tubo de sangre con EDTA de la víctima.

Tras los análisis en el laboratorio de las muestras de hisopo vaginal y del tanga (porción interna del mismo en la que se observa una mancha fluorescente a la luz forense), no se visualizan espermatozoides, aunque los análisis preliminares de la PSA arrojan resultados positivos en ambas muestras.

Ante los resultados negativos a espermatozoides, se decide realizar una lisis total en ambas muestras. Y tras el análisis genético, a punto final y sin posibilidad de realizar análisis adicionales, se obtienen los perfiles mezclas proporcionados: muestra 2 y muestra 3.

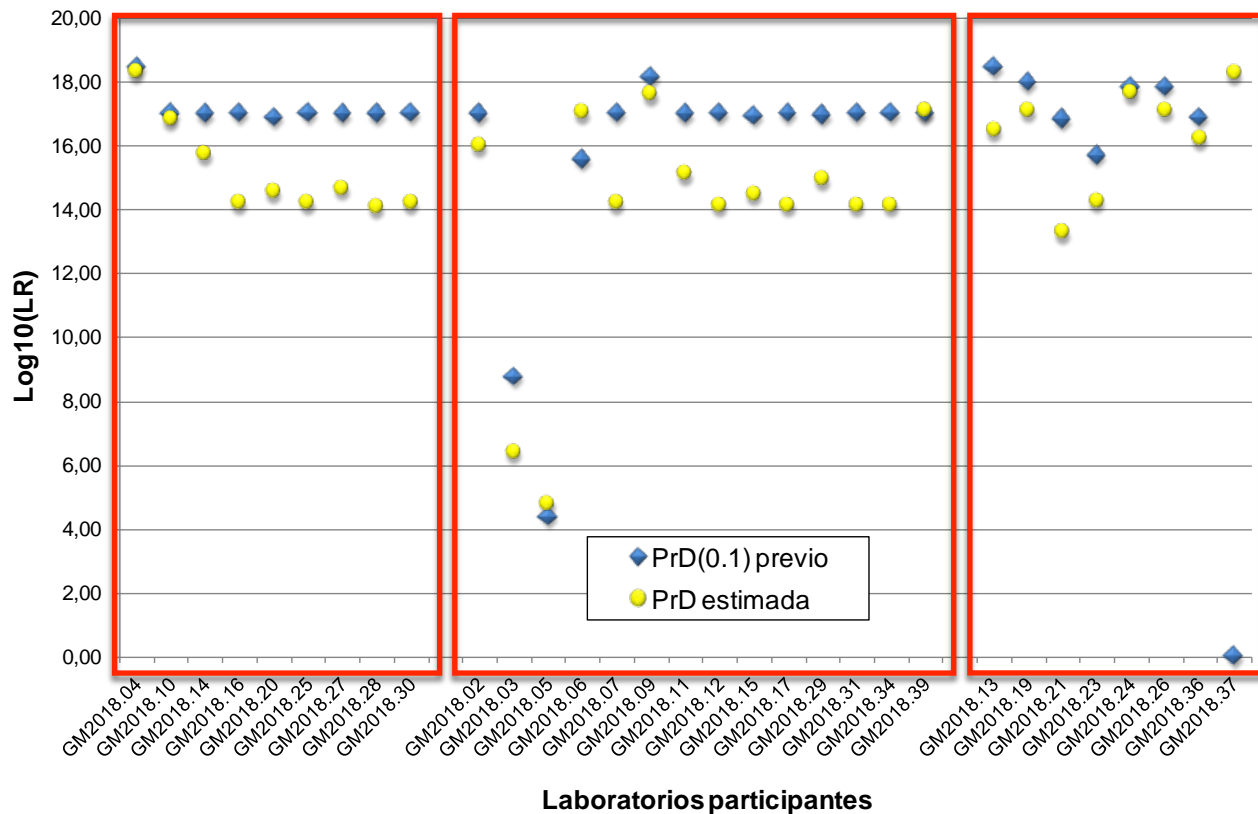
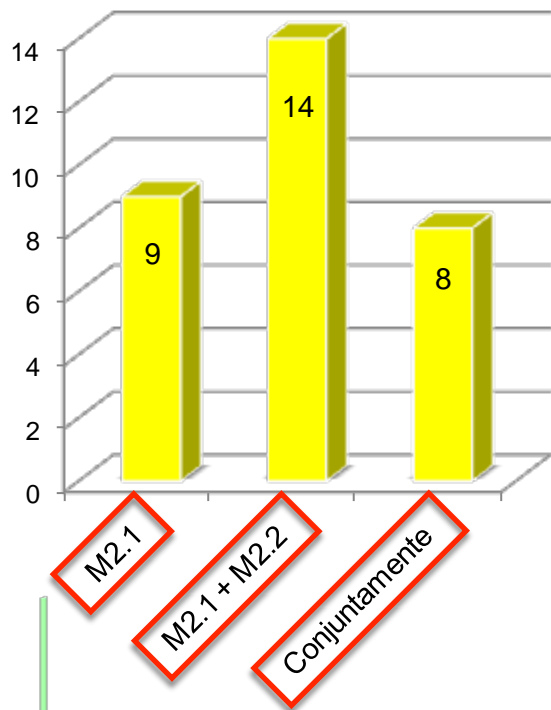
Al cabo de un par de semanas se detiene a un sospechoso, conocido por otras violaciones en la zona, al que se toma una muestra de hisopo bucal. La misma se remite al laboratorio de análisis junto con su consentimiento informado.

Los perfiles genéticos tanto del sospechoso como de la víctima aparecen recogidos en las tablas siguientes.

El juez quiere saber si el sospechoso detenido es el agresor sexual de la víctima, pero no se plantea ninguna hipótesis. El laboratorio de análisis tendrá libertad a la hora de plantear los pares de hipótesis que estime convenientes.

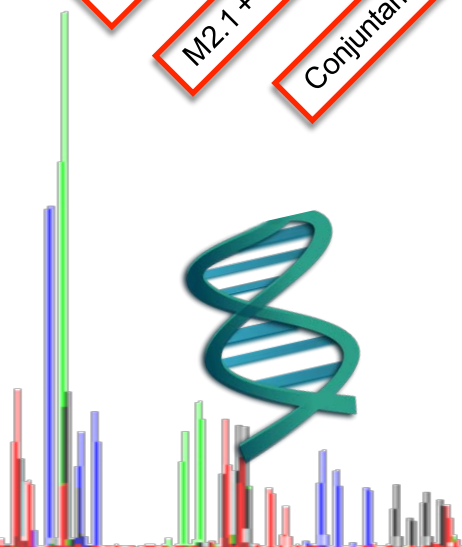
B2.2. Tratamiento Estadístico – Caso #2. LRmixStudio

Muestras valoradas



Diferencias entre grupos

Grupos de LR	T-Student (p)
sólo M2.1 / M2.1 + M2.2	0.4309
sólo M2.1 / conjuntamente	0.7822
M2.1 + M2.2 / conjuntamente	0.2569

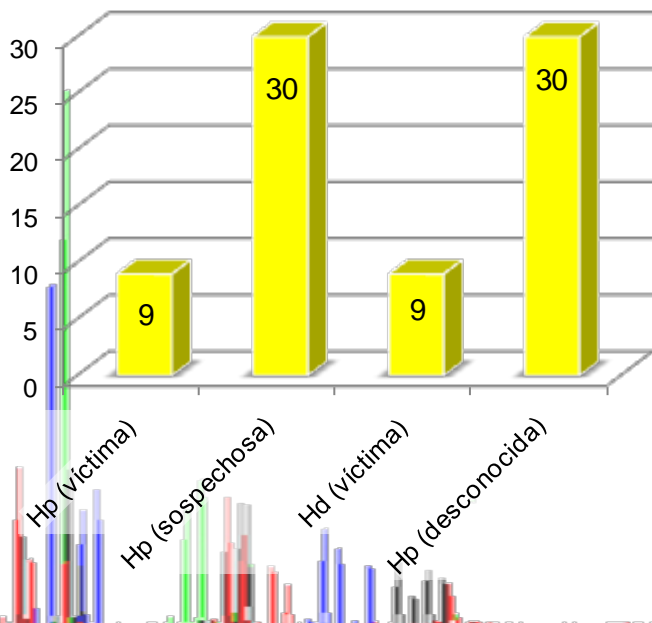


B2.2. Tratamiento Estadístico – Caso #2. LRmixStudio

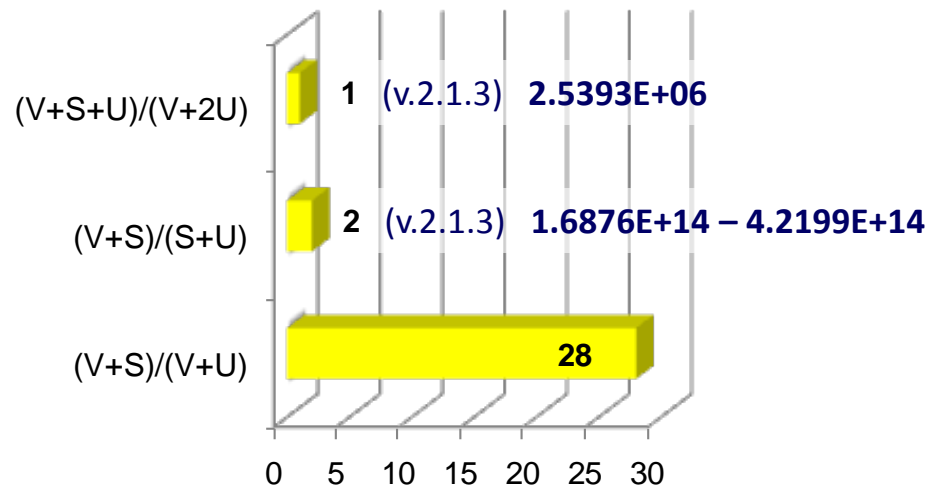
Probabilidad de drop-out estimada

	PrD (general / Hp)	PrD (en Hd)
n	31	8
media	0.41	0.47
d.s.	0.20	0.18
min	0.01	0.10
Max	0.64	0.59

Sobre qué componentes de las hipótesis aplicaría la PrD estimada



Hipótesis planteadas S2.1



Diferencias entre versiones

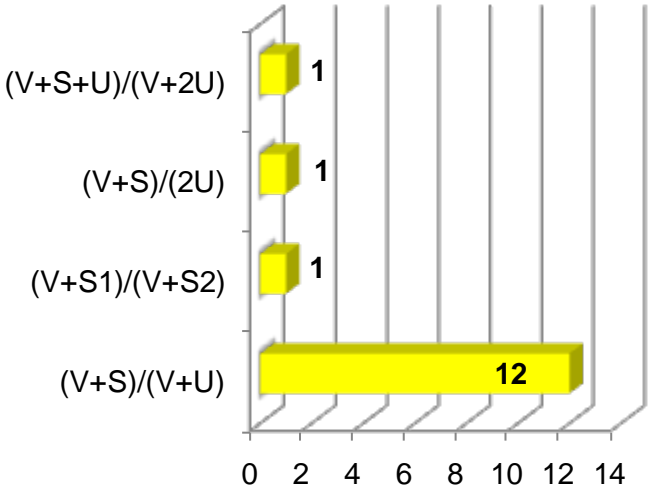
Versiones	n	media	d.s.	min	Max
1.0.2	1	1.4621E+16	NA	NA	NA
2.0.1	2	1.7023E+18	1.1796E+17	1.6189E+18	1.7857E+18
2.1.3	19	2.3106E+16	4.4387E+16	6.3494E+04	1.1198E+17
2.1.5	9	9.3385E+16	1.6009E+17	1.2669E+14	3.8901E+17

T-Student (p)
0.2295

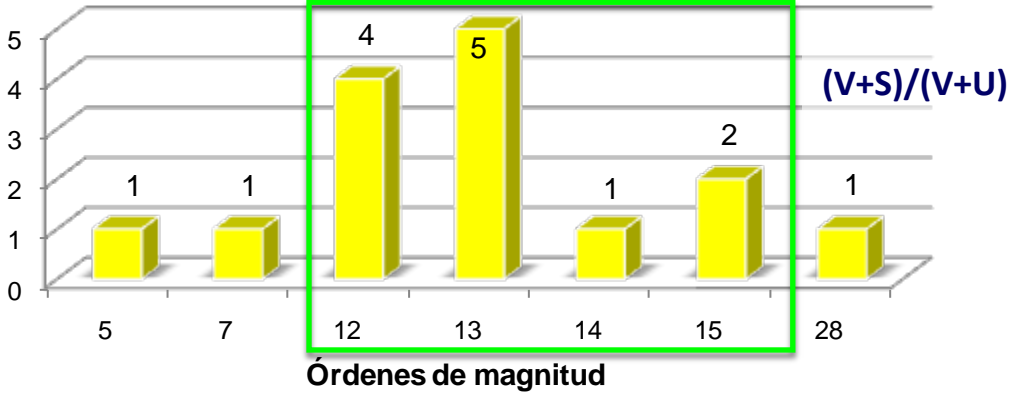
$(V+S)/(V+U)$

B2.2. Tratamiento Estadístico – Caso #2. LRmixStudio

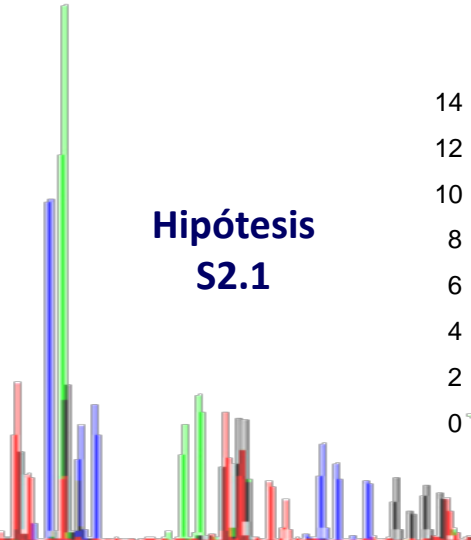
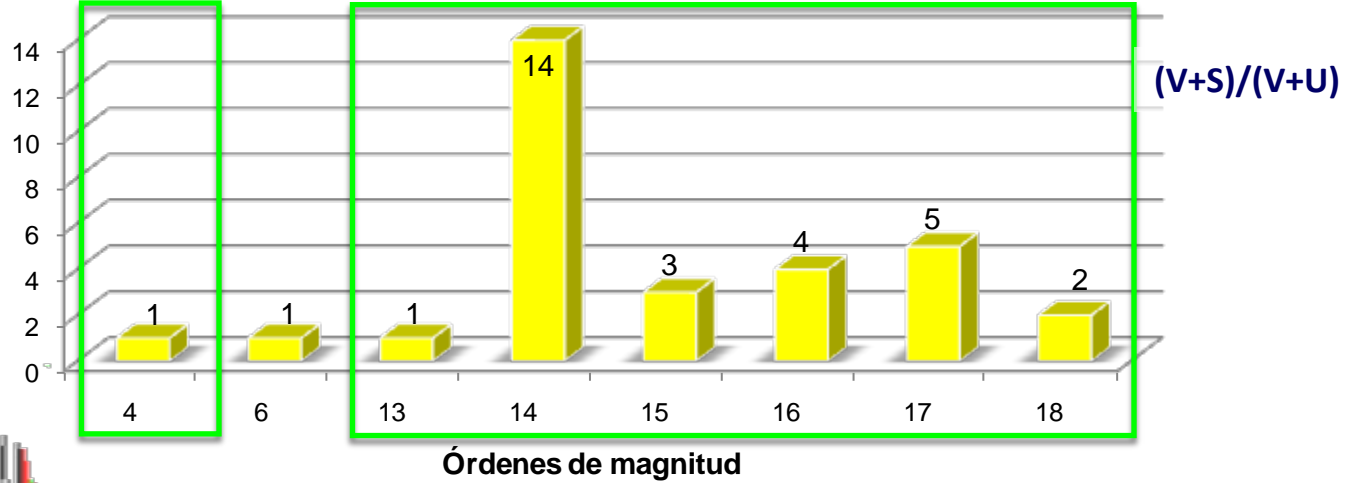
Hipótesis planteadas S2.2



Hipótesis	n	media	d.s.	min	Max
$(V+S)/(2U)$	1	2.9099E+28	NA	NA	NA
$(V+S+U)/(V+2U)$	1	2.9091E+07	NA	NA	NA
$(V+S1)/(V+S2)$	1	4.1942E+05	S2: individuo emparentado		
$(V+S)/(V+U)$	12	5.8254E+14	8 (v2.1.3) y 3 (v2.1.5)		



Hipótesis S2.1

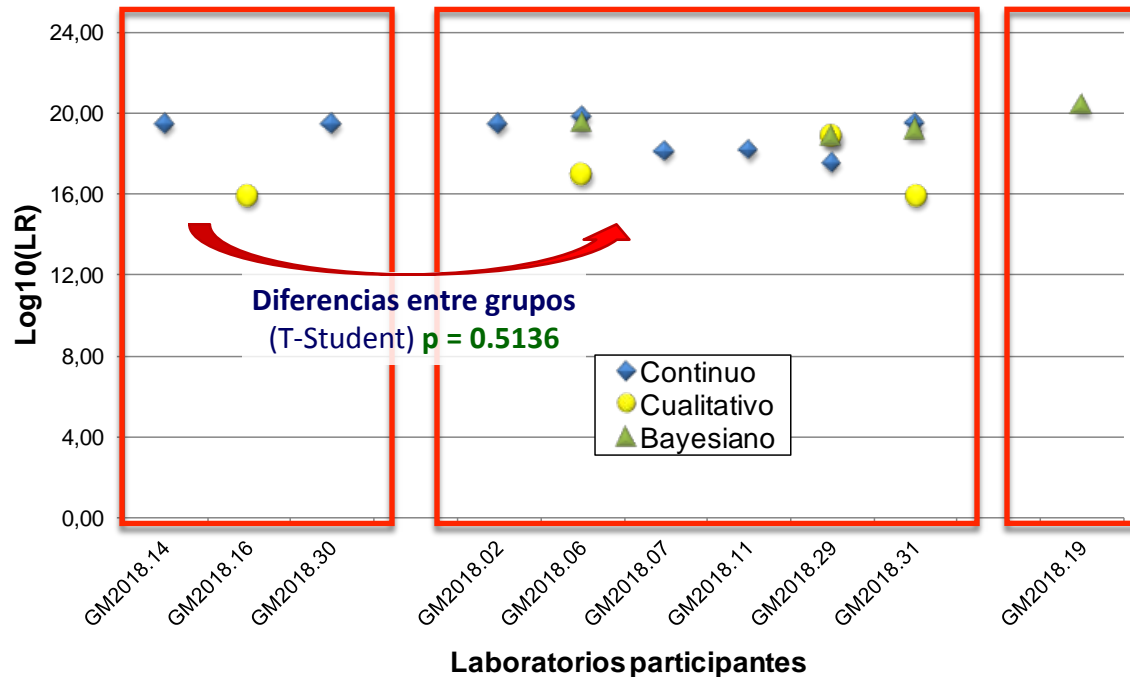
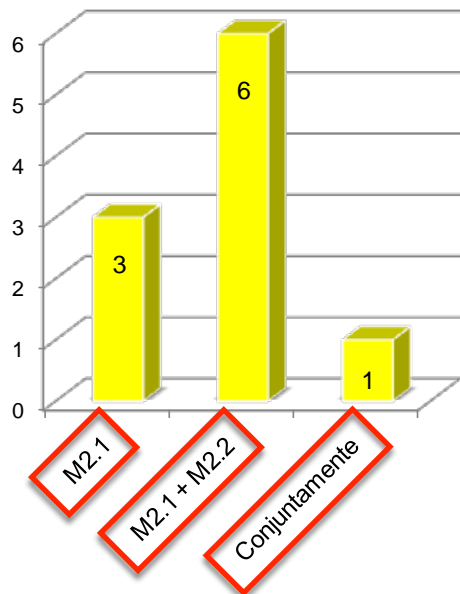


B2.2. Tratamiento Estadístico – Caso #2. EuroForMix

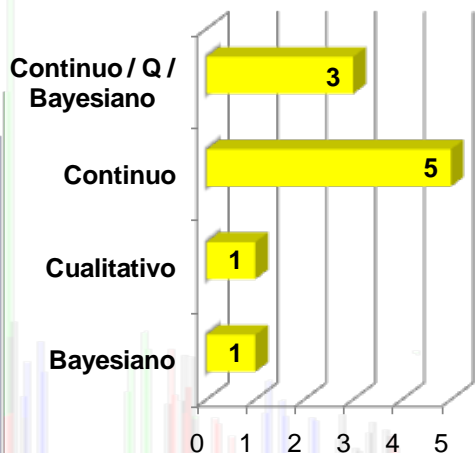
Model options: **Degradation YES**
Stutter YES

2/6/10

Muestras valoradas



Método Probabilístico usado



En todos los casos: $S2.1 = (V+S)/(V+U)$

Método	n	media	d.s.	min	Max
Continuo	8	2.183E+19	2.075E+19	3.217E+17	6.155E+19
Cualitativo	4	1.615E+18	3.153E+18	9.106E+15	6.344E+18
Bayesiano	4	7.241E+19	1.120E+20	6.572E+18	2.398E+20

Métodos	T-Student (p)
continuo-cualitativo	0.0285
continuo-bayesiano	0.4345
cualitativo-bayesiano	0.2954

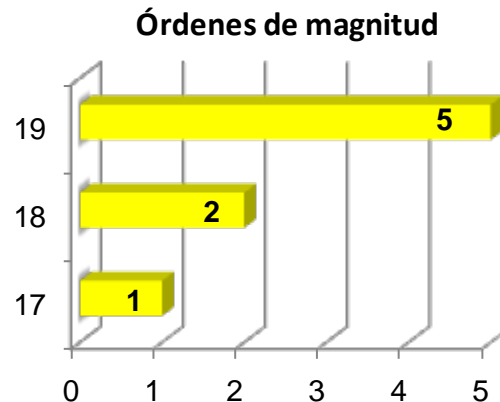
B2.2. Tratamiento Estadístico – Caso #2. EuroForMix

Model options: *Degradation* YES
Stutter NO

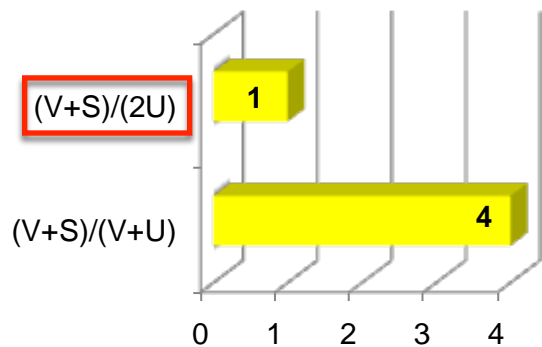
5/6/10

Diferencias entre versiones – Método Continuo (Planteamiento S2.1)

Versiones	n	media	d.s.	min	Max
1.11.4	1	1.4322E+18	NA	NA	NA
2.0.2	1	2.8987E+19	NA	NA	NA
2.0.3	4	2.9218E+19	2.4753E+19	1.2240E+18	6.1545E+19
2.0.4	2	1.3687E+19	1.8901E+19	3.2167E+17	2.7052E+19
		T-Student (p)			
		0.4612			

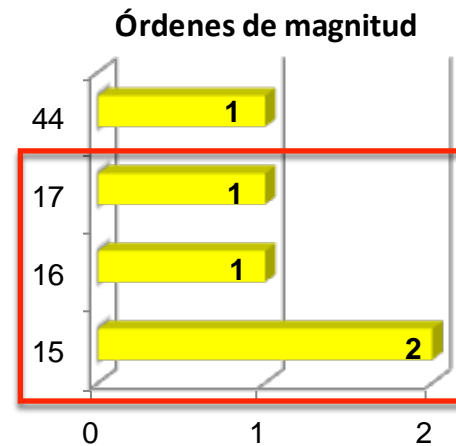


Hipótesis planteadas S2.2 >> valoran precisamente la muestra M2.2 (tanga)

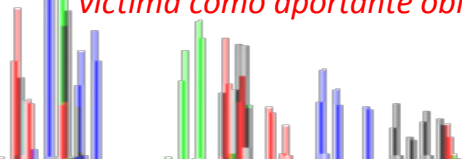


Método	n	media	d.s.	min	Max
Continuo	5	1.815E+44	4.058E+44	1.489E+15	(V+S)/(2U)
Cualitativo	3	3.153E+19	5.310E+19	4.706E+15	9.283E+19
Bayesiano	3	1.539E+16	2.037E+16	4.055E+14	3.859E+16

Métodos	T-Student (p)
continuo-cualitativo	0.3739
continuo-bayesiano	0.3739
cualitativo-bayesiano	0.4121



GHEPMIX2018.02: "En este caso no puedo asegurar que la tanga no haya sido usada por otra persona por lo que en la Hd no incluyo a la víctima como aportante obligada."



Resumen comparativo entre software

* Caso #1

Software_método	n	media	d.s.	min	Max	T-Student (p)
LRmixStudio	31	5.889E+22	1.675E+23	4.824E+15	8.288E+23	
EuroForMix_continuo	8	2.727E+21	4.050E+21	9.873E+19	1.214E+22	0.0720
EuroForMix_cualitativo	4	1.708E+18	1.534E+18	1.351E+17	3.748E+18	0.0597
EuroForMix_bayesiano	4	2.416E+21	3.395E+21	8.706E+19	7.461E+21	0.0707

* Caso #2

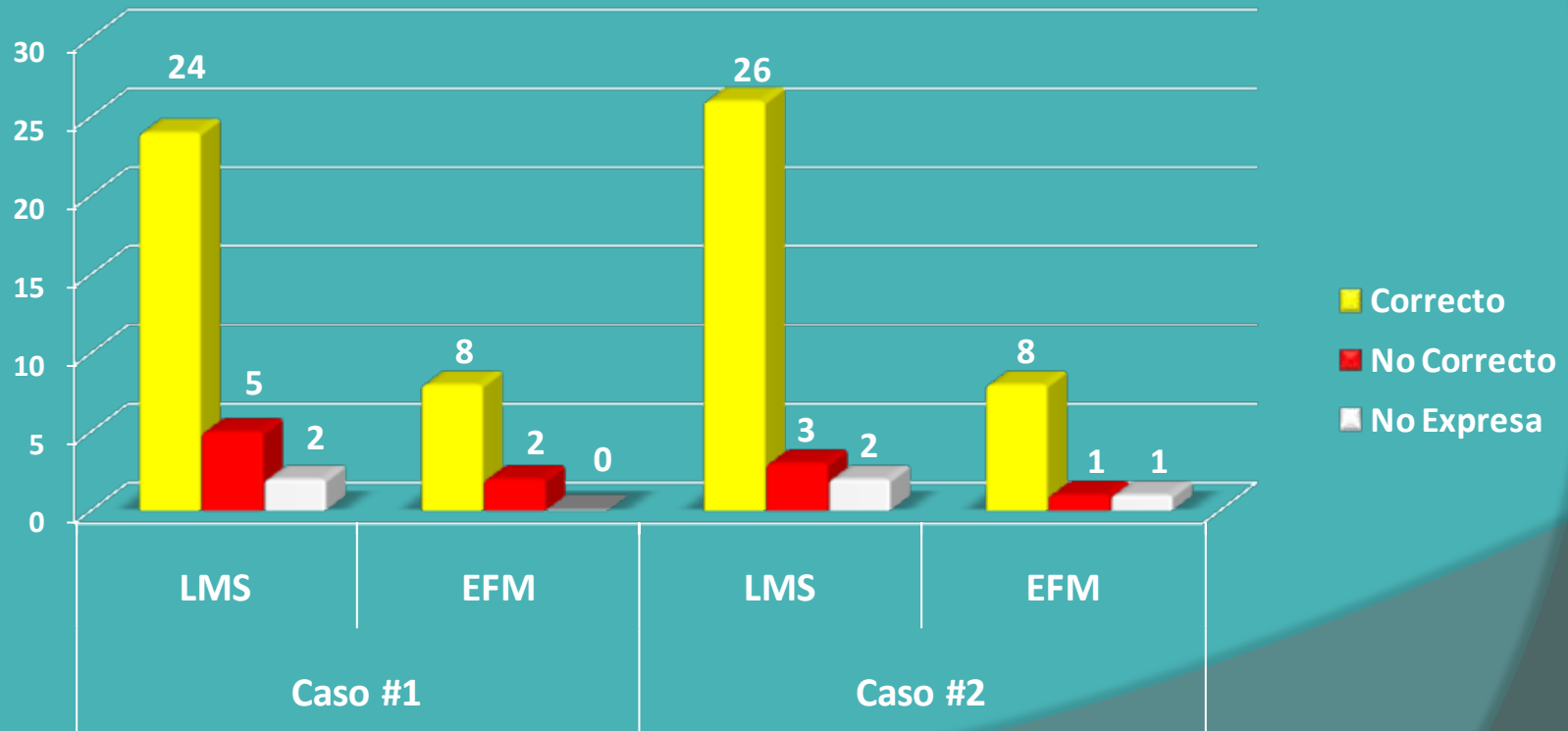
- Planteamiento S2.1

Software_método	n	media	d.s.	min	Max	T-Student (p)
LRmixStudio	31	1.516E+17	4.253E+17	6.349E+04	1.786E+18	
EuroForMix_continuo	8	2.183E+19	2.075E+19	3.217E+17	6.155E+19	0.0212
EuroForMix_cualitativo	4	1.615E+18	3.153E+18	9.106E+15	6.344E+18	0.4220
EuroForMix_bayesiano	4	7.241E+19	1.120E+20	6.572E+18	2.398E+20	0.2874

- Planteamiento S2.2

Software_método	n	media	d.s.	min	Max	T-Student (p)
LRmixStudio	15	1.940E+27	7.513E+27	4.194E+05	2.910E+28	
EuroForMix_continuo	5	1.815E+44	4.058E+44	1.489E+15	9.074E+44	0.3739
EuroForMix_cualitativo	3	3.153E+19	5.310E+19	4.706E+15	9.283E+19	0.3343
EuroForMix_bayesiano	3	1.539E+16	2.037E+16	4.055E+14	3.859E+16	0.3343

Expresión de conclusiones



Conclusiones / Reflexiones

Conclusiones / Reflexiones (1 de 2)

* Aspectos Generales

- Alta participación (31) de laboratorios con casuística forense y paternidades.
- Software de uso más extendidos para valorar el LR: **LRmixStudio**, **GFF**, **Irmezpcr** o propios.

* LRmixStudio

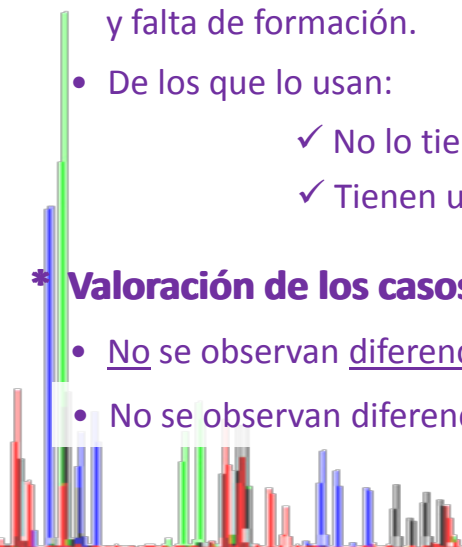
- Es usado en la rutina (81%), independientemente de la existencia de drop-outs (72%).
- Pocos lo tienen validado (22%) o en proceso de validación (26%).
- En base a las respuestas (*drop-out*, *drop-in*, *Theta*) hay un conocimiento relativo del funcionamiento del software.

* EuroForMix

- En general, no es muy usado por los participantes (93%), en general por no tener conocimientos sobre el software y falta de formación.
- De los que lo usan:
 - ✓ No lo tiene validado o están en proceso.
 - ✓ Tienen un conocimiento aceptable del software.

* Valoración de los casos, aspectos generales:

- No se observan diferencias significativas entre **LRmixStudio** y **EuroForMix** en el **caso #1**, pero sí en el **caso #2**.
- No se observan diferencias significativas entre versiones de software.



Conclusiones / Reflexiones (2 de 2)

* Valoración caso #1, planteamiento con hipótesis fijadas:

- **LRmixStudio:** ✓ La mayoría aplican la PrD estimada a los componentes apropiados.
✓ Relativa dispersión de datos, la mayoría en el orden de magnitud de $\log_{10} = 21$.
- **EuroForMix:** ✓ La mayoría sólo usan el método “continuo”.
✓ No diferencias significativas entre métodos.
✓ Escasa dispersión de datos.

* Valoración caso #2, planteamiento con hipótesis abiertas:

- La mayoría valoran ambas muestras y hacen el mismo planteamiento = $(V+S)/(V+U)$.
- **LRmixStudio:** ✓ Importante dispersión de datos, aunque la mayoría en el orden de magnitud de $\log_{10} = 14$.
✓ Para el planteamiento S2.2, la dispersión es mayor.
- **EuroForMix:** ✓ La mayoría sólo usan el método “continuo”.
✓ Diferencias significativas entre el método “continuo” y el “cualitativo”.
✓ Gran dispersión para el planteamiento S2.2 por las hipótesis planteadas.

* En definitiva:

- Hay que hacer siempre una edición de los perfiles mezcla.
- Se recomienda siempre usar la última versión de los software (corrección de errores y más estable).
- Es fundamental tener validado el/los software usados en la rutina del laboratorio.
- Es necesaria formación sobre el funcionamiento de los software.



Perspectivas futuras

- * En los próximos meses (a lo largo de 2019/2020):
 - Preparar informe definitivo de los resultados del ejercicio.
 - Preparar *paper* sobre el ejercicio GHEPMIX7, en colaboración con **Peter Gill** y **Lourdes Prieto**.

- * Dentro de las finalidades de la Comisión:
 - Preparar nueva edición (**GHEPMIX8**), para octubre de 2020.





Gracias por vuestra atención!!

Agradecimientos

A todos los laboratorios participantes en esta edición, **GHEPMIX7**

A *Peter Gill* y *Lourdes Prieto* por su colaboración y asesoramiento

Al **GHEP-ISFG** y al **INTCF** por su apoyo institucional



“As Above, So Below”, (2018)
Jim Figora

