



GRUPO DE HABLA ESPAÑOL A Y PORTUGUESA DE LA ISFG

GRUPO DE LÍNGUAS ESPANHOLA E PORTUGUESA DA ISFG

Estudio teórico del módulo forense (nivel básico)



Ejercicio GHEP-ISFG 2011

XVI Jornadas del GHEP-ISFG

Viena, Austria

29-30 agosto 2011

María José Farfán Espuny

Servicio de Biología

Instituto Nacional de Toxicología y Ciencias Forenses

Departamento de Madrid, España



Planteamiento

Tras el análisis de unos restos de sangre tomados de la hoja de una navaja incautada al sospechoso de un homicidio se detecta el perfil genético que se muestra en la tabla 10.



Asumiendo la codominancia de todos los alelos en los marcadores STR analizados y teniendo en cuenta las frecuencias alélicas reflejadas en la Tabla del Anexo:

- Calcule las frecuencias genotípicas y la frecuencia esperada de ese perfil en la población en la que fueron estimadas las frecuencias alélicas.
- Asumiendo coincidencia de este perfil con el perfil genético de la víctima del homicidio, calcule la razón de máxima verosimilitud especificando las hipótesis formuladas.
- Emita una conclusión derivada de estos análisis.

Resolución (1)

- Calcule las frecuencias genotípicas y la frecuencia esperada de ese perfil en la población en la que fueron estimadas las frecuencias alélicas.

Cálculo de frecuencias genotípicas:

Heterocigotos: $f_{het} = 2 * f_a * f_b$

Homocigotos: $f_{hom} = f_a^2$

Cálculo de la frecuencia del perfil:

$$f_p = f_{D8} * f_{D21} * \dots * f_{FGA}$$

Tabla 10

	Genotipo
D8S1179	7-15
D21S11	29-30.2
D7S820	10-12
CSF1PO	11
D3S1358	11-18
TH01	9
D13S317	11
D16S539	12
D2S1338	17-18
D19S433	14-15.2
vWA	14-18
TPOX	8-11
D18S51	16-17
AMEL	XY
D5S818	11
FGA	21-22

Tabla de frecuencias alélicas (en ANEXO)

Alelos	D8S1179	D3S1358
...		
7	0.0016	
8	0.0188	
9	0.0094	
10	0.1016	
11	0.0781	∅
12	0.1250	0.0009
13	0.3063	0.0081
14	0.2156	0.1124
15	0.1156	0.2770
16	0.0266	0.2392
17	0.0016	0.1682
18		0.1799
19		0.0135
20		0.0009
...		
Frec. Mínima	0.0095	0.0054

Tabla 10

	Genotipo
D8S1179	7-15
D21S11	29-30.2
D7S820	10-12
CSF1PO	11
D3S1358	11-18
TH01	9
D13S317	11
D16S539	12
D2S1338	17-18
D19S433	14-15.2
vWA	14-18
TPOX	8-11
D18S51	16-17
AMEL	XY
D5S818	11
FGA	21-22

Tabla 10

	Genotipo	Frecuencia genotípica
D8S1179	7-15	0,0021/0,0003
D21S11	29-30.2	0,0165
D7S820	10-12	0,0940
CSF1PO	11	0,0863
D3S1358	11-18	0,0019/0,0003
TH01	9	0,0377
D13S317	11	0,0901
D16S539	12	0,0965
D2S1338	17-18	0,0459
D19S433	14-15.2	0,0319
vWA	14-18	0,0336
TPOX	8-11	0,2797
D18S51	16-17	0,0348
AMEL	XY	0,1137
D5S818	11	0,0562
FGA	21-22	0,0021

Refleje las frecuencias genotípicas con comas, 4 decimales y sin redondeo (Ej. 0,123456789 => 0,1234) y la frecuencia del perfil en notación científica (Ej. => 5,4321 x 10e-10)

Frecuencias usadas para D8S1179 (7-15)

Alelo 7 de D8	n	%	Frec. genotípica
$f_{\text{mín}} = 0,0095$	41	55 %	$= 2 * 0,0095 * 0,1156 = 0,0021$
$f_7 = 0,0016$	28	38 %	$= 2 * 0,0016 * 0,1156 = 0,0003$
$f_?$	5	7 %	?
TOTAL	74	100 %	

LAB	D8S1179	n
	0,0021	35
	0,0022	5
23228	0,00036992	1
23290	3,6992E-04	1
	0,0003	18
	0,0004	5
	0,0001	1
23262	0,0212	1
23272	0,0010	1
23286-23358	2703,2871	2
23277	455,3000	1
23309-23229	0,0001	1
	0,0010	1
	0,0012	1
		74
		65
		9

Usan frecuencia mínima para alelo 7 ($f_{\text{mín}}=0,0095$)

Usan frecuencia del alelo 7 ($f_7=0,0016$)

Refleje las frecuencias genotípicas con comas, 4 decimales y sin redondeo (Ej. 0,123456789 => 0,1234) y la frecuencia del perfil en notación científica (Ej. => 5,4321 x 10e-10)

23228	> 4 decimales
23290	Notación científica
23262	Corrección θ
23272	Otras frecuencias?
23286-23358-23277	Valores de LR
23309-23229	$f_{\text{het}}=f_a*f_b$

Frecuencias usadas para D3S1358 (11-18)

Alelo 11 de D3	n	%	Frec. genotípica
$f_{\text{mín}} = 0,0054$	68	92 %	$= 2 * 0,0054 * 0,1799 = 0,0019$
$f_{\text{inf}} (=f_{12}=f_{20}) = 0,0009$	1	1 %	$= 2 * 0,0009 * 0,1799 = 0,0003$
$f_{?}$	5	7 %	?
TOTAL	74	100 %	

LAB	D3S1358	n
	0,0019	63
23228	0,0019429	1
23290	1,9429E-03	1
	0,0003	1
	1,7995E-05	1
23262	0,0210	1
23272	0,0016	1
23286-23358	514,6892	1
23277	514,6900	1
23309-23229	0,0009	1
	0,0000	1
	264,6973	1
		74
		66
		8

Usan frecuencia mínima para alelo 11 ($f_{\text{mín}}=0,0054$)

Usa frecuencia inferior para el alelo 11 ($f_{\text{inf}}=0,0009$)

23228	> 4 decimales
23290	Notación científica
23262	Corrección θ
23272	Otras frecuencias?
23286-23358-23277	Valores de LR
23309-23229	$f_{\text{het}}=f_a*f_b$

LAB	D8S1179	n	D21S11	n	D7S820	n	CSF1PO	n	D3S1358	n	TH01	n	D13S317	n	D16S539	n
	0,0021	35	0,0165	64	0,0940	55	0,0863	58	0,0019	63	0,0377	64	0,0901	66	0,0965	66
	0,0022	5			0,0941	9	0,0864	9							0,0966	1
23228	0,00036992	1	0,0165225	1	0,0940441	1	0,0863772	1	0,0019429	1	0,0377136	1	0,0901200	1	0,0965449	1
23290	3,6992E-04	1	1,6522E-02	1	9,4044E-02	1	8,6377E-02	1	1,9429E-03	1	3,7713E-02	1	9,0120E-02	1	9,6534E-02	1
	0,0003	18	0,0433	1					0,0003	1	0,0370	1	0,0913	1		
	0,0004	5			0,1703	1			1,7995E-05	1	0,00377	1				
	0,0001	1									0,3884	1				
23262	0,0212	1	0,0303	1	0,0690	1	0,1076	1	0,0210	1	0,0589	1	0,1113	1	0,1177	1
23272	0,0010	1	0,0177	1	0,0961	1	0,0886	1	0,0016	1	0,0398	1	0,0929	1	0,0991	1
23286-23358	2703,2871	2	60,5235	2	10,6333	2	11,5771	2	514,6892	1	26,5156	2	11,0963	2	10,3589	2
23277	455,3000	1	60,5200	1	10,5800	1	11,5800	1	514,6900	1	26,5200	1	11,1000	1	10,3600	1
23309-23229	0,0001	1	0,0082	2	0,0470	2		74	0,0009	1		74		74		74
	0,0010	1		74		74		70	0,0000	1		68		70		70
	0,0012	1		67		67		4	264,6973	1		6		4		4
		74		7		7				74						
		65								66						
		9								8						

LAB	D2S1338	n	D19S433	n	VWA	n	TPOX	n	D18S51	n	D5S818	n	FGA	n
	0,0459	64	0,0319	64	0,0336	57	0,2797	54	0,0348	66	0,1137	58	0,0562	57
	0,0460	1	0,0318	1	0,0337	8	0,2798	9			0,1138	9	0,0563	8
23228	0,0459481	1	0,0319095	1	0,0336719	1	0,2797856	1	0,0348090	1	0,1137713	1	0,0562700	1
23290	4,5948E-02	1	3,1910E-02	1	3,3671E-02	1	2,7978E-01	1	3,4809E-02	1	1,1377E-01	1	5,6270E-02	1
23262	0,0453	1	0,0389	1	0,0376	1	0,1621	1	0,0323	1	0,1348	1	0,0492	1
23272	0,0474	1	0,0342	1	0,0348	1	0,2816	1			0,1159	1	0,0579	1
23286/23358	21,7636	2	31,3385	2	29,6893	2	3,5741	2	28,7281	2	8,7895	2	17,7714	2
23277	21,7600	1	31,3400	1	29,7000	1	3,5700	1	28,7300	1	8,7900	1	17,0700	1
23309/23229	0,0229	2	0,0159	2	0,0168	2	0,1398	1	0,0174	2		74	0,0281	2
		74		74		74	0,1482	1		74		70		74
		69		68		68	0,2801	1		69		4		68
		5		6		6	0,2777	1		5				6
								74						
								68						
								6						

23228	> 4 decimales
23290	Notación científica
Errores transcripción?	
23262	Corrección θ
23272	Otras frecuencias?
23286-23358-23277	Valores de LR
23309-23229	$f_{het}=fa*fb$
23258	$f_{hom}=2*fa$

	Genotipo	Frecuencia genotípica	n		ACEPTADOS (VR± 10%)		Discrepancias	
					n			
D8S1179	7-15	0,0021/0,0022	40	54,1%	65	87,8%	9	12,2%
		0,0003/0,0004	25	33,8%				
D21S11	29-30.2	0,0165	66	89,2%	67	90,5%	7	9,5%
D7S820	10-12	0,0940	57	77,0%	67	90,5%	7	9,5%
CSF1PO	11	0,0863/0,0864	69	93,2%	70	94,6%	4	5,4%
D3S1358	11-18	0,0019	65	87,8%	66	89,2%	8	10,8%
TH01	9	0,0377	66	89,2%	68	91,9%	6	8,1%
D13S317	11	0,0901	68	91,9%	70	94,6%	4	5,4%
D16S539	12	0,0965	68	91,9%	70	94,6%	4	5,4%
D2S1338	17-18	0,0459	67	90,5%	69	93,2%	5	6,8%
D19S433	14-15.2	0,0319	67	90,5%	68	91,9%	6	8,1%
vWA	14-18	0,0336/0,0337	67	90,5%	68	91,9%	6	8,1%
TPOX	8-11	0,2797/0,2798	65	87,8%	68	91,9%	6	8,1%
D18S51	16-17	0,0348	68	91,9%	69	93,2%	5	6,8%
D5S818	11	0,1137/0,1138	69	93,2%	70	94,6%	4	5,4%
FGA	21-22	0,0562/0,0563	67	90,5%	68	91,9%	6	8,1%
AMELOGENINA	XY	0,5	15	20,3%				
						Total	87	7,8%

	Genotipo	Frecuencia genotípica	n		ACEPTADOS (VR± 10%)		Discrepancias	
					n			
D8S1179	7-15	0,0021/0,0022	40	54,1%	65	87,8%	9	12,2%
		0,0003/0,0004	25	33,8%				
D21S11	29-30.2	0,0165	66	89,2%	67	90,5%	7	9,5%
D7S820	10-12	0,0940	57	77,0%	67	90,5%	7	9,5%
CSF1PO	11	0,0863/0,0864	69	93,2%	70	94,6%	4	5,4%
D3S1358	11-18	0,0019	65	87,8%	66	89,2%	8	10,8%
TH01	9	0,0377	66	89,2%	68	91,9%	6	8,1%
D13S317	11	0,0901	68	91,9%	70	94,6%	4	5,4%
D16S539	12	0,0965	68	91,9%	70	94,6%	4	5,4%
D2S1338	17-18	0,0459	67	90,5%	69	93,2%	5	6,8%
D19S433	14-15.2	0,0319	67	90,5%	68	91,9%	6	8,1%
vWA	14-18	0,0336/0,0337	67	90,5%	68	91,9%	6	8,1%
TPOX	8-11	0,2797/0,2798	65	87,8%	68	91,9%	6	8,1%
D18S51	16-17	0,0348	68	91,9%	69	93,2%	5	6,8%
D5S818	11	0,1137/0,1138	69	93,2%	70	94,6%	4	5,4%
FGA	21-22	0,0562/0,0563	67	90,5%	68	91,9%	6	8,1%
AMELOGENINA	XY	0,5	15	20,3%				
						Total	87	7,8%



Frec. Usada =>Frec. Genotípica	Grupo	Frecuencia perfil	LR	n	
D8-fm =>0,0021	1	5,78439E-22	1,72879E+21	18	5
D3-fm =>0,0019	2	5,35673E-22	1,86681E+21	12	
n	1AMEL	2,89219E-22	3,45758E+21	6	
41	2AMEL	2,67837E-22	3,73362E+21		
D8-f7 =>0,0003	3	9,74213E-23	1,02647E+22	10	2
D3-fm =>0,0019	4	7,65248E-23	1,30677E+22	6	
n	3AMEL	4,87106E-23	2,05294E+22	3	4
25	4AMEL	3,82624E-23	2,61353E+22		
D8-f7 =>0,0003	5	1,62369E-23	6,15882E+22		
D3-fi =>0,0003	6	1,20829E-23	8,27619E+22		
n	5AMEL	8,11844E-24	1,23176E+23		
1	6AMEL	6,04143E-24	1,65524E+23	1	
n=67					67

fm= frecuencia mínima

f7= frecuencia alelo 7

fi= frecuencia inferior

Todos decimales sin AMEL

4 decim sin redondeo sin AMEL

Todos decimales con AMEL

4 decim sin redondeo con AMEL

Valores totales de FRECUENCIA PERFIL

FREC informada	n	FREC informada	n
9,5138E-26	1	4,3610E-22	1
9,6704E-25	1	5,0165E-22	1
5,1193E-	1	5,3560E-22	1
6,0414E-24	1	5,3567E-22	11
6,6048E-24	1	5,6776E-22	1
4,8359E-23	1	5,7783E-22	1
4,8710E-23	2	5,7843E-22	16
7,6284E-23	1	5,7844E-22	2
7,6524E-23	5	5,8921E-22	1
8,6107E-23	1	5,9062E-22	1
9,6649E-23	1	1,9681E-21	1
9,7400E-23	1	4,8710E-21	1
9,7421E-23	5	1,7758E-19	1
1,0276E-22	1	1,0000E-10	1
1,6439E-22	1	5,2789E+21	1
2,0081E-22	1	1,0264E+22	1
2,8921E-22	5	1,652,221,443,6	1
3,3348E-22	1		74

	Genotipo	Frecuencia genotípica	n		ACEPTADOS (VR± 10%)		Discrepancias	
					n			
D8S1179	7-15	0,0021/0,0022	40	54,1%	65	87,8%	9	12,2%
		0,0003/0,0004	25	33,8%				
D21S11	29-30.2	0,0165	66	89,2%	67	90,5%	7	9,5%
D7S820	10-12	0,0940	57	77,0%	67	90,5%	7	9,5%
CSF1PO	11	0,0863/0,0864	69	93,2%	70	94,6%	4	5,4%
D3S1358	11-18	0,0019	65	87,8%	66	89,2%	8	10,8%
TH01	9	0,0377	66	89,2%	68	91,9%	6	8,1%
D13S317	11	0,0901	68	91,9%	70	94,6%	4	5,4%
D16S539	12	0,0965	68	91,9%	70	94,6%	4	5,4%
D2S1338	17-18	0,0459	67	90,5%	69	93,2%	5	6,8%
D19S433	14-15.2	0,0319	67	90,5%	68	91,9%	6	8,1%
vWA	14-18	0,0336/0,0337	67	90,5%	68	91,9%	6	8,1%
TPOX	8-11	0,2797/0,2798	65	87,8%	68	91,9%	6	8,1%
D18S51	16-17	0,0348	68	91,9%	69	93,2%	5	6,8%
D5S818	11	0,1137/0,1138	69	93,2%	70	94,6%	4	5,4%
FGA	21-22	0,0562/0,0563	67	90,5%	68	91,9%	6	8,1%
AMELOGENINA	XY	0,5	15	20,3%				
						Total	87	7,8%

	ACEPTADOS (VR± 1 OM)		Discrepancias	
	n			
FREC PERFIL	64	86,5%	10	13,5%

Resolución (2)

- Asumiendo coincidencia de este perfil con el perfil genético de la víctima del homicidio, calcule la razón de máxima verosimilitud especificando las hipótesis formuladas.

Hipótesis 1 <i>Hypothesis 1</i>	Los restos de sangre hallados en la hoja de la navaja incautada al sospechoso proceden de la <u>víctima</u>
Hipótesis 2 <i>Hypothesis 2</i>	Los restos de sangre hallados en la hoja de la navaja incautada al sospechoso proceden de un individuo al azar de la población no relacionado genéticamente con la víctima
LR total <i>Total LR</i>	$LR = \frac{P(E/H1)}{P(E/H2)} = \frac{1}{f_p}$

Valores totales de FRECUENCIA PERFIL y LR

FREC informada	n	FREC informada	n
9,5138E-26	1	4,3610E-22	1
9,6704E-25	1	5,0165E-22	1
5,1193E-	1	5,3560E-22	1
6,0414E-24	1	5,3567E-22	11
6,6048E-24	1	5,6776E-22	1
4,8359E-23	1	5,7783E-22	1
4,8710E-23	2	5,7843E-22	16
7,6284E-23	1	5,7844E-22	2
7,6524E-23	5	5,8921E-22	1
8,6107E-23	1	5,9062E-22	1
9,6649E-23	1	1,9681E-21	1
9,7400E-23	1	4,8710E-21	1
9,7421E-23	5	1,7758E-19	1
1,0276E-22	1	1,0000E-10	1
1,6439E-22	1	5,2789E+21	1
2,0081E-22	1	1,0264E+22	1
2,8921E-22	5	1,652,221,443,6	1
3,3348E-22	1		74

LR informada	n	LR informada	n
1,7288E+25	1	4,9798E+21	1
1,0511E+25	1	3,4575E+21	6
1,6522E+24	1	2,9986E+21	1
1,0300E+24	1	1,9934E+21	1
1,6552E+23	1	1,8668E+21	4
1,5140E+23	1	1,8667E+21	5
2,0529E+22	2	1,8660E+21	1
2,0258E+22	1	1,7612E+21	1
1,4285E+22	1	1,7336E+21	1
1,3108E+22	1	1,7306E+21	1
1,3067E+22	4	1,7288E+21	1
1,1613E+22	1	1,7287E+21	17
1,0360E+22	1	1,6931E+21	1
1,0339E+22	1	5,0810E+20	1
1,0265E+22	5	2,0529E+20	1
1,0264E+22	3	8,8000E+18	1
6,1827E+21	1	1,0000E-10	1
5,2789E+21	1	1,7287E-21	1
			74

	Genotipo	Frecuencia genotípica	n		ACEPTADOS (VR± 10%)		Discrepancias	
					n			
D8S1179	7-15	0,0021/0,0022	40	54,1%	65	87,8%	9	12,2%
		0,0003/0,0004	25	33,8%				
D21S11	29-30.2	0,0165	66	89,2%	67	90,5%	7	9,5%
D7S820	10-12	0,0940	57	77,0%	67	90,5%	7	9,5%
CSF1PO	11	0,0863/0,0864	69	93,2%	70	94,6%	4	5,4%
D3S1358	11-18	0,0019	65	87,8%	66	89,2%	8	10,8%
TH01	9	0,0377	66	89,2%	68	91,9%	6	8,1%
D13S317	11	0,0901	68	91,9%	70	94,6%	4	5,4%
D16S539	12	0,0965	68	91,9%	70	94,6%	4	5,4%
D2S1338	17-18	0,0459	67	90,5%	69	93,2%	5	6,8%
D19S433	14-15.2	0,0319	67	90,5%	68	91,9%	6	8,1%
vWA	14-18	0,0336/0,0337	67	90,5%	68	91,9%	6	8,1%
TPOX	8-11	0,2797/0,2798	65	87,8%	68	91,9%	6	8,1%
D18S51	16-17	0,0348	68	91,9%	69	93,2%	5	6,8%
D5S818	11	0,1137/0,1138	69	93,2%	70	94,6%	4	5,4%
FGA	21-22	0,0562/0,0563	67	90,5%	68	91,9%	6	8,1%
AMELOGENINA	XY	0,5	15	20,3%				
						Total	87	7,8%

	ACEPTADOS (VR± 1 OM)		Discrepancias	
	n			
FREC PERFIL	64	86,5%	10	13,5%
LR	66	89,2%	8	10,8%

Formulación de hipótesis 1

Hipótesis 1 <i>Hypothesis 1</i>	Los restos de sangre hallados en la hoja de la navaja incautada al sospechoso proceden de la <u>víctima</u>
---	--

La sangre			
Los restos de sangre			
El perfil genético	procede de		
El patrón genético	pertenece a	la víctima	n= 58
El genotipo	(se) corresponde a	el sospechoso	n= 10
Los alelos	proviene de		
El material genético	es de		23170 23259
El indicio	coincide con... (1)		23222 23268
La muestra			23230 23284
La mancha			23250 23290
			23258 23359

Coincidencia debida a que ambas muestras proceden del mismo individuo	1
Dan el valor de la probabilidad "1"	4
"POSITIVA"	1

5 labs formulan las hipótesis como “Probabilidad de que...”

74

Formulación de hipótesis 2

Hipótesis 2

Hypothesis 2

Los restos de sangre hallados en la hoja de la navaja incautada al sospechoso proceden de un individuo al azar de la población no relacionado genéticamente con la víctima

	No víct/ No sosp	Individuo/persona /desconocido (5)	al azar	de la población	NR	NE	NRG
15		X (2 ♂)	X	X			
12		X			X (4)	X (4) (1 ♂)	X (4)
11		X		X			
7		X					
6		X	X				
4		X		X	X		
3		X		X			X
1		X	X		X		
1		X	X	X			X
7	X						
67	7	60	23	34	9	4	8
						21	

- 2 Coincidencia al azar
- 3 Dan valores de probabilidad
- 1 "Frec perfil en pobl"
- 1 "NEGATIVA"

74

NR	No Relacionado
NE	No Emparentado
NRG	No Relacionado o emparentado Genéticamente

Resolución (3)

- Emita una conclusión derivada de estos análisis.

La obtención del perfil genético detectado en los restos de sangre hallados en la hoja de la navaja incautada al sospechoso es X veces (=valor de LR) más probable si dichos restos de sangre procedieran de la víctima que si procedieran de un individuo al azar de la población no relacionado genéticamente con la víctima.

Emisión de conclusiones (71/74 labs)

- 13 labs incluyen la expresión “no se puede excluir a X como donante de los restos de sangre”.
- 9 labs se refieren explícitamente al sospechoso en lugar de a la víctima.
- 63 labs incluyen el valor de la LR en la conclusión

Parámetro	Nº labs
LR	58
LR+Probab	5
Probabilidad	2

Emisión de conclusiones

Valoración	Nº labs
Expresión correcta de la LR	25 ^{*(1)}
Transposición del condicional	29
Sólo dan valor de LR o Probab	10
“El perfil de la sangre coincide con el de la víctima” / “Hay identidad”	4
La sangre pertenece/corresponde a la víctima	3
No conclusiones	3
Total	74

23219 “Es $1866,6677 \times 10^{18}$ veces más probable que el perfil observado en la navaja sea el evidenciado **si** suponemos que procede de la víctima **que si** suponemos que procede de otra persona no relacionada genéticamente.”

23233 “Es 1728791332522699 veces más probable que el ADN de sangre en la navaja pertenezca a la víctima que a un individuo al azar de la población.”

Transposición del condicional

Algunas conclusiones osadas

- 23238** Los restos de sangre tomados de la hoja de la navaja incautada al sospechoso **pertenecen a la víctima** del caso. =H1
- 23246** La sangre hallada en la navaja **corresponde con la de la víctima.** =H1
- 23297** Del análisis realizado sobre el perfil genético planteado y con base en la frecuencia de este en la población, la cual es bastante baja se puede sugerir que **el perfil genético efectivamente corresponde a la víctima.** =H1
- 23356** En la evidencia "hoja de navaja" se ha observado un perfil genético de al menos un individuo. **En dicho perfil genético se encontraría material genético perteneciente a la "víctima"...**
- 23290** The hypothesis that blood from the suspect knife blade is coming from the victim is 205293970737069000000000 more likely that blood is from another unknown person. **That means the knife was used to kill the victim.** → TC



Muchas gracias a todos por vuestra participación