

Plantilla de Resultados

Ensayo de Aptitud

Ejercicio de Comparación Interlaboratorios

CONTROL DE CALIDAD SLAGF 2016-2017

CODIGO LABORATORIO

Coordinado por: Mireya Matamoros Zelaya/ Investigación en Ciencias Forenses. Dirección de Medicina Forense, Honduras.
Con la colaboración de los Doctores Carlos Díaz, Yessica Pinto, Ligia Castro del Laboratorio de Serología-Genética y de la
Dra. Julissa Villanueva/ Directora de la Dirección de Medicina Forense de Honduras.

1 EJERCICIO PRÁCTICO

SOLICITADO	SI	NO	CONFORME	NO CONFORME
1.- Analizó genéticamente las muestras.	X		X	
2.-Determinó si M3 es un posible aportante de la mezcla M2.	X		X	
3.-Informó método de extracción utilizado.	X		X	
4.-Informó método de purificación utilizado.	X		X	
5.-Informó método de cuantificación utilizado.	X		X	
6.- Informó metodología de Amplificación.	X		X	
7.- Informó los Kits multiplex utilizados.	X		X	
8.- Informó el método de detección utilizado.	X		X	
9.- Informó los genotipos obtenidos según lo establecido en plantilla de Anexo 1	X		X	
10.- Informó los resultados STR.	X		X	
M1	X		X	
M2	X		X	
M3	X		X	
M4	X		X	
11.- Resultados cromosoma Y	X		X	

12.- Informó los calculos estadisticos si aplican.	X		X	
13.- Informó las conclusiones correctamente.	X		X	
14.- Informo cualquier observacion respecto a la competencia, por ejemplo no analiza restos oseos o mezclas de rutina.	X		X	
TOTAL			14	

RESULTADOS

M1= Perfil de la víctima femenina (Ver tabla de reporte)

En M2 el componente mayoritario era el masculino y el aportante femenino el componente minoritario.

En M2 se detecta un perfil de mezcla, correspondiente a un componente/ aportante/ individuo/ masculino y otro femenino (Ver tabla de reporte)

Al realizar extracción diferencial se aislaban separadamente ambos perfiles, en ausencia de extracción diferencial, se observaba un perfil de mezcla, con dos aportantes/contribuyentes/donantes etc..

Si se asume que M2 se tomo de la víctima M1 (M2 de procedencia no dubitada o indubitada) no se requiere estadística comparativa para perfil femenino de M1 y M2.

Si se trata M2 como de procedencia dubitada, se requiere estadística comparativa para perfil femenino de M1 y M2.

Para fines de este ejercicio ambos enfoques se consideran correctos.

M3= Perfil del sospechoso masculino (Ver tabla de reporte)

M4= Perfil de individuo masculino (Ver tabla de reporte)

CONCLUSIONES

En M2 se detectó un perfil genético de un individuo del sexo femenino que coincide con M1 (MUESTRA IDENTIFICADA COMO VÍCTIMA), con una probabilidad de coincidencia superior al 99.999999%. M1 no se excluye como aportante de la mezcla o es aportante de la mezcla, o se detectó el perfil de la víctima. Además se detectó un componente/ perfil, genotipo, correspondiente a un individuo del sexo masculino, cuyo perfil genético difiere, no coincide, se excluye como aportante/ del perfil genético detectado en M3 del sospechoso(MUESTRA IDENTIFICADA COMO SOSPECHOSO)

OBSERVACIONES

2 EJERCICIO TEORICO

Se trata de un caso en el cual dos personas de diferentes madres, quieren saber si comparten padre biológico.

SOLICITADO	SI	NO	CONFORME	NO CONFORME
1.- Determinó el índice de medio-hermandad (IMH) para cada marcador autosómico y el IMH total.	X		X	
2.- Determinó el IMH total.	X		X	
3.-Determinó el índice de pertenencia a una misma patrilinea.	X		X	
4.- Determinó la PROBABILIDAD de pertenencia a una misma patrilinea.	X		X	
5.-Indicó las CONCLUSIONES tal como las informaría en su laboratorio.	X		X	
6.- informo los resultados correctos de acuerdo al consenso	X		X	
TOTAL			6	

OBSERVACIONES

TEORICO CALCULOS

Loci	Gh1	Gh2	Pi	pj	LR	Fórmulas	Fórmulas
D3S1358	17/17	17/15	0,178		1,90449438	0.25+(1+a/4a)	(1/2)+(1/(4*pi))
TH01	7/9	9/8	0,121		1,53305785	0.25(2a+1/8a)	(1/2)+(1/(8*pi))
D21S11	31.2/33.2	29/32.2			0,5	0.25+0.25	1/2
D18S51	15/15	15/20	0,133		2,37969925	0.25+(1+a/4a)	(1/2)+(1/(4*pi))
Penta E	16/21	21/24	0,015		8,83333333	0.25(2a+1/8a)	(1/2)+(1/(8*pi))
D5S818	9/11	9/13	0,041		3,54878049	0.25(2a+1/8a)	(1/2)+(1/(8*pi))
D13S317	9/10	9/13	0,152		1,32236842	0.25(2a+1/8a)	(1/2)+(1/(8*pi))
D7S820	10/11	10/11	0,271	0,305	1,37109068	0.5+1/8a+1/8b	(1/2)+(1/(8*pi))+(1/(8*pj))
D16S39	11/13	9/13	0,128		1,4765625	0.25(2a+1/8a)	(1/2)+(1/(8*pi))
CSF1PO	10/13	10/11	0,275		0,95454545	0.25(2a+1/8a)	(1/2)+(1/(8*pi))
Penta D	10/13	9/11			0,5	0.25+0.25	1/2
vWA	16/18	17/17			0,5	0.25+0.25	1/2
D8S1179	13/14	14/14	0,225		1,61111111	0.25+(1+a/4a)	(1/2)+(1/(4*pi))
TPOX	8/8	8/8	0,521		1,4596929	0.5+(1/2a)	(1/2)+(1/(2*pi))
FGA	21/23	21/21	0,142		2,26056338	0.25+(1+a/4a)	(1/2)+(1/(4*pi))
			IMH TOTAL		369,866377		
			PMH		0,99730361		

No se incluye subestructura en los cálculos

IMH TOTAL: 366,6298 – % PROBABILIDAD DE MEDIO-HERMANDAD= 99,73%

Muestra	DYS 576	DYS 389I	DYS 448	DYS 389II	DYS 19	DYS 391	DYS 481	DYS 549	DYS 533	DYS 438	DYS 437
H1	17	13	19	29	14	11	22	14	12	12	15
H2	17	13	19	29	14	11	22	14	12	12	15
Muestra	DYS 570	DYS 635	DYS 390	DYS 439	DYS 392	DYS 643	DYS 393	DYS 458	DYS 385a/b	DYS 456	Y-GATA-H4
H1	18	23	23	12	13	10	13	16	10/14	16	12
H2	18	23	23	12	13	10	13	16	10/14	16	12

INDICE DE PERTENENCIA A UNA MISMA PATRILINEA= 32327 – Probabilidad mayor de 99,99%

Para efecto del EJERCICIO TEORICO, debe tomarse la FRECUENCIA POBLACIONAL DE ARGENTINA, que se encuentra en www.slagf.org. La frecuencia haplotípica del cromosoma Y debe obtenerse de www.yhrd.org

CONCLUSIONES:

- 1) Los resultados obtenidos son compatibles con el vínculo de Medio-Hermandad entre H1 y H2, con una Probabilidad de 99,73% y un Índice de 367.
- 2) No se puede descartar que ambos individuos pertenecen a una misma patrilinea, con una Probabilidad superior al 99,99%.

3 ANEXO 1 (TABLAS DE REPORTE)

3.1.- Marcadores autosómicos

Muestra	D3S1358 1	D3S1358 2	HUMTHO1 1	HUMTHO1 2	D21S11 1	D21S11 2	D18S51 1	D18S51 2	Penta E 1	Penta E 2	D5S818 1	D5S818 2
M1	15	19	7	8	28	30	12	17	12	19	9	11
M2A	15	19	7	8	28	30	12	17	12	19	9	11
M2B	15	18	6	9	28	29	15	17	12	18	9	11
M2 sin ext diferencial	15-18 (19)		6-9 (7-8)		28-29-(30)		15-17-(12)		12-18-(19)		9	11
M3	15	16	6	9.3	30	31.2	14	15	13	17	10	12
M4	16	17	7	9	29	31.2	13	14	5	12	11	11
Muestra	D13S317 1	D13S317 2	D7S820 1	D7S820 2	D16S53 9 1	D16S539 2	CSF1PO 1	CSF1PO 2	Penta D 1	Penta D 2	Amelog enin 1	Amelog enin 2
M1	11* /5	11	12	12	11	13	11	12	13	13	X	X
M2A Epitel	11*/5	11	12	12	11	13	11	12	13	13	X	X
M2B Esper	9	13	12	13	12	12	10	12	9	11	X	Y
M2 sin ext diferencial	9-13-(5-11)*		12	13	12-(11-13)		10-12-(11)		9-11-(13)		X	Y
M3	9	11	11	11	9	11	12	12	11	12	X	Y
M4	10	12	10	11	9	12	12	12	11	12	X	Y
Muestra	VWA 1	VWA 2	D8S1179 1	D8S1179 2	TPOX 1	TPOX 2	FGA 1	FGA 2				
M1	16	17	14	15	8	11	19	25				
M2A	16	17	14	15	8	11	19	25				
M2B	15	18	14	15	9	11	19	24				
M2 sin ext diferencial	15-18-(16-17)		14	15	9-11-(8)		19-24-(25)					
M3	17	17	13	15	9	12	21	26				
M4	14	17	12	14	8	11	25	26				

***CON ALGUNOS KITS DE IDENTIFILER Y POWER PLEX 16 EL ALELO 5 DEL MARCADOR D13S317 NO ESTA REPRESENTADO EN LA ESCALERA ALELICA, APARECE EL ALELO PERO NO SE ETIQUETA POR LO QUE SE CONSIDERAN CORRECTOS LOS RESULTADOS 5,11 U 11.**

3.2 Marcadores del Cromosoma Y

Muestra	DYS 576	DYS 389I	DYS 448	DYS 389II	DYS 19	DYS 391	DYS 481	DYS 549	DYS 533	DYS 438	DYS 437
M2B	19	13	19	29	14	11	21	12	12	12	14
M3	16	13	21	30	16	10	25	13	11	11	14
M4	18	13	19	29	14	10	22	13	12	12	15
Muestra	DYS 570	DYS 635	DYS 390	DYS 439	DYS 392	DYS 643	DYS 393	DYS 458	DYS 385a/b	DYS 456	Y-GATA-H4
M2B	17	23	24	11	13	10	13	17	11/15	15	11
M3	18	22	21	11	11	13	13	20	14/17	15	12
M4	18	23	24	11	13	10	13	19	11/14	16	12

Observaciones generales