

EJERCICIO DE IDENTIFICACIÓN POR ADN DE VÍCTIMAS EN DESASTRES (DVI) NIVEL BÁSICO, 2023

Organiza Gian Carlo Iannacone, Delegado por Perú
peru@slagf.org adnsolucion@gmail.com

1. OBJETIVO:

El ejercicio tiene como finalidad fortalecer las competencias de:

- a. **Interpretación de resultados** de cotejos de perfiles genéticos en el contexto de subestructura poblacional, consanguinidad, degradación del perfil genético y presencia de mutaciones para la asignación de desaparecidos y familiares dentro de un pedigrí (árbol genealógico).
- b. **Calcular el Likelihood ratio (LR) y probabilidad de identificación para cada grupo familiar**, probando las siguientes hipótesis para cada familiar o grupo familiar:
H0: El (Los) sobreviviente(s) (familiares) tiene(n) entroncamiento biológico con un grupo de desaparecidos, los cuales comparten cotejo genético entre sí en un árbol genealógico.
H1: El (Los) sobreviviente(s) (familiares) no tiene(n) entroncamiento biológico con un grupo de desaparecidos, los cuales comparten cotejo genético entre sí en un árbol genealógico.
- c. **Fortalecer el uso de herramientas de búsqueda y cálculos con perfiles genéticos** utilizando el software FAMILIAS, lo cual a la vez permitirá normalizar los objetivos a y b.

2. DESCRIPCION DEL CASO DVI:

En el mes de octubre del año 2021 en un poblado cercano al Río Amazonas, 40 personas se transportaban en un barco por motivo de un cumpleaños. Aproximadamente a las 3 pm explota el motor del barco debido a falta de mantenimiento y se empieza a hundir, únicamente 11 de las 40 personas lograron sobrevivir (a estas 11 personas les llamaremos los SOBREVIVIENTES y cada grupo familiar de sobrevivientes (1 o más individuos) está etiquetado como FAM1, FAM2, FAM3,... FAM11). Los sobrevivientes llegaron a una zona deshabitada y tuvieron que caminar un día para pedir ayuda. Una vez que consiguieron ayuda, comenzó la búsqueda de los cuerpos y se requirió de la colaboración de buzos para poder recuperar los cuerpos atrapados en el barco hundido en una zona profunda del río. Luego de 3 días de labores de recuperación, se logró la extracción de 29 cadáveres (a estas 29 personas les llamaremos el GRUPO DE DESAPARECIDOS y cada

EJERCICIO DVI - ADN – NIVEL BASICO



uno está identificado como MP1, MP2, MP3,..., MP29), los cuales mostraban degradación por haber estado expuestos al fuego, agua y depredación por animales.

Los expertos en genética forense procedieron a coleccionar las muestras en los cadáveres. Se realizaron entrevistas a los sobrevivientes para poder elaborar las genealogías y contar con el criterio de colecta de muestra de los familiares sobrevivientes. Los resultados arrojaron que los 11 sobrevivientes eran los únicos familiares cercanos para poder realizar el análisis de ADN para poder identificar a los desaparecidos de las 8 familias, y a su vez se encontró que muchas de ellas estaban emparentadas entre sí. Adicionalmente, se cotejó la información brindada por los familiares sobrevivientes con la lista de pasajeros del barco y coincidían exactamente con el número y nombres de los desaparecidos, por lo que se trató el suceso como un caso de identificación de víctimas en desastres **DVI CERRADO**, pues se conoce el número de desaparecidos y los familiares sobrevivientes que los buscan.

Se trabajó en la obtención de perfiles genéticos con STR autosómicos. Como resultado, se reportaron perfiles parciales, teniendo un total de 15 marcadores para poder ser analizados en los 29 desaparecidos, lo cual se corroboró previamente en la cuantificación con PCR en tiempo real, en donde se evidenció degradación y presencia de inhibidores. Adicionalmente, debido a problemas presupuestales, no se contaba con insumos para poder analizar STR del cromosoma Y ni tampoco secuencias de ADN mitocondrial por lo que solo se podría realizar el análisis con STR autosómicos.

Debido a que no se contaba con una base de datos poblacional específica sabiendo que es una población con probable subestructura y uniones consanguíneas, se eligió utilizar una base de datos de Hispanoamérica con valor de subestructura poblacional de 0.03. Asimismo, en el caso que se pudiera encontrar presencia de mutaciones se eligió usar el valor de frecuencia mutacional para STR autosómicos de 0.001.

Por otro lado, se tenía implementado un sistema de análisis de metilación en tiempo real para determinación de la edad y que, sumado a un modelo de regresión lineal al análisis de individualización antropológica-odontológica, se obtuvieron rangos de edades de 5 años con un error de +/-1 años.

En el caso del sexo, considerando que podría existir alguna mutación se consideró tanto el sexaje por los resultados obtenidos en la amplificación conjunta con los STR autosómicos y la cuantificación en el PCR en tiempo real para la detección de ADN masculino.

Por lo tanto, para el proceso de identificación se contaba con:

- a. Perfiles genéticos autosómicos parciales.
- b. Determinación de sexo molecular.
- c. Estimación de edad por método molecular y antropológico-odontológico.

EJERCICIO DVI - ADN – NIVEL BASICO



Para mayor detalle del éxito de un proceso de identificación de personas desaparecidas más aun en condiciones de subestructura población, pueden consultar el siguiente link:
<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1002/9781119482062.ch30>

EJERCICIO DVI - ADN – NIVEL BASICO



3. INSTRUCCIONES:

- a. Utilizar el software FAMILIAS para el desarrollo del ejercicio, el cual lo pueden obtener en <https://familias.no/download>
- b. Se adjuntan a este ejercicio los archivos listos para su uso en el programa FAMILIAS que están en la carpeta **"ARCHIVOS PARA FAMILIAS"**:

Archivo	Nombre	Contenido
1	FRECUENCIAS.txt	Frecuencias poblacionales para utilizarse en Familias
2	todos restos familiares.txt	Perfiles genéticos del grupo de desaparecidos y el grupo de sobrevivientes. (40 personas)
3	familiares.txt	Sólo incluye los perfiles genéticos del grupo de sobrevivientes (11 personas). Estos perfiles se han repetido en la data cuando un familiar sobreviviente tiene más de un rol de búsqueda, con respecto a los desaparecidos que busca.

- c. Realizar la búsqueda de cotejo de perfiles genéticos usando las instrucciones de la parte de **ANEXOS de este documento** (también puede ver el link de tutorial FAMILIAS DVI (<https://familias.name/ICRC2019/09-10-FamiliasDVI.pdf>), donde se muestran los pasos para usar el módulo de identificación del FAMILIAS bajo dos criterios:
 - i. **Búsqueda con hipótesis de pedigrí**, aquí es recomendable que luego de obtener los resultados en FAMILIAS y exportar a un archivo .TXT se copie la información a Excel y se agregue una columna categorizando los resultados de 1-8, lo cual es correspondiente a cada grupo familiar (Sobrevivientes).
 - ii. **Búsqueda mediante cotejo por compartir alelos idénticos por descendencia (IBD por sus siglas en inglés, parentesco) llamado también BLIND SEARCH**. Aquí es recomendable que luego de obtener los resultados en FAMILIAS y exportar a un archivo .TXT se copie la información a Excel y se agregue una columna categorizando en orden numérico los resultados que están en función a un ordenamiento previo de menor a mayor en Excel, considerar para el ordenamiento la columna donde dice "Person 1", Por ejemplo:

Orden	Person 1	Person 2
1	MP1	FAM1
1	MP1	FAM10
1	MP1	MP3
2	MP2	FAM11

EJERCICIO DVI - ADN – NIVEL BASICO



2	MP2	FAM3
---	-----	------

- iii. Una vez obtenido los resultado tanto de búsqueda por pedigrí y BLIND SEARCH se recomienda utilizar el archivo en Excel **"todos restos familiares perfiles y edades estimadas.xlsx"** adjunto en la carpeta **"Archivos Excel work"**, en ese archivo tienen en la columna "AH" las edades estimadas de los desaparecidos por el modelo de regresión lineal, la columna "AI" para colocar la posición del grupo familiar que pertenece si es f1, f2, f3, f4, f5, f6, f7, f8: los cuales se van correlacionar tanto por la columna "AJ" y "AK" cuando se agreguen los números correspondientes. En la columna "AJ" colocan los resultados de clasificación numérica por **"Búsqueda con hipótesis de pedigrí"** y en el caso de la columna "AK" los resultados de clasificación numérica **"Búsqueda por medio cotejo por compartir alelos IBD (parentesco) llamado también BLIND SEARCH"**. Es recomendable usar en este punto simultáneamente la información tanto del cuadro de **"FAMILIARES A LOS QUE SE LES COLECTÓ SANGRE Y SE ENTREVISTO PARA EL PEDIGREE"** como también las genealogías 1, 2 y 3, todo ello obtenido en las entrevistas a los 11 familiares sobrevivientes.

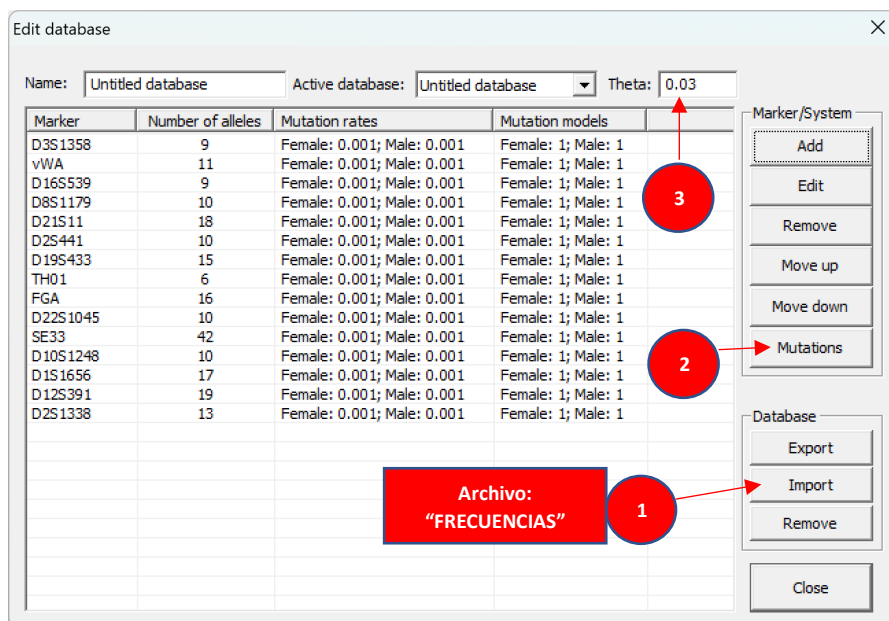
Una vez ubicados los 29 desaparecidos y 11 familiares (Sobrevivientes) en las genealogías deberán calcular el LR y la probabilidad de la hipótesis probando las hipótesis:

H0 (Ped1): El (Los) sobreviviente(s) (familiares) tiene entroncamiento biológico con un grupo de desaparecidos, los cuales comparten cotejo genético entre sí en un árbol genealógico.

H1 (Ped2): El (Los) sobreviviente(s) (familiares) no tiene(n) entroncamiento biológico con un grupo de desaparecidos, los cuales comparten cotejo genético entre sí en un árbol genealógico.

- d. Para ese fin deberán completar los resultados en el archivo Excel "cuadro de resultado" en la carpeta **"Archivos Excel work"** completando la columna **"E"**, **"i-L"** y también deberán responder las preguntas debajo de la tabla. Para el uso del cálculo individual de cada pedigrí (árbol genealógico) usar como referencia la información de presentación de uso del FAMILIAS https://familias.name/tutorial/familias_tutorial_spanish.pdf . Para el cálculo al ingresar la base de datos considerar frecuencia mutacional 0.001 y coancestralidad de 0.03 (Theta) como se muestra en la siguiente figura:

EJERCICIO DVI - ADN – NIVEL BASICO



Name: Active database: Theta:

Marker	Number of alleles	Mutation rates	Mutation models
D3S1358	9	Female: 0.001; Male: 0.001	Female: 1; Male: 1
vWA	11	Female: 0.001; Male: 0.001	Female: 1; Male: 1
D16S539	9	Female: 0.001; Male: 0.001	Female: 1; Male: 1
D8S1179	10	Female: 0.001; Male: 0.001	Female: 1; Male: 1
D21S11	18	Female: 0.001; Male: 0.001	Female: 1; Male: 1
D2S441	10	Female: 0.001; Male: 0.001	Female: 1; Male: 1
D19S433	15	Female: 0.001; Male: 0.001	Female: 1; Male: 1
TH01	6	Female: 0.001; Male: 0.001	Female: 1; Male: 1
FGA	16	Female: 0.001; Male: 0.001	Female: 1; Male: 1
D22S1045	10	Female: 0.001; Male: 0.001	Female: 1; Male: 1
SE33	42	Female: 0.001; Male: 0.001	Female: 1; Male: 1
D10S1248	10	Female: 0.001; Male: 0.001	Female: 1; Male: 1
D1S1656	17	Female: 0.001; Male: 0.001	Female: 1; Male: 1
D12S391	19	Female: 0.001; Male: 0.001	Female: 1; Male: 1
D2S1338	13	Female: 0.001; Male: 0.001	Female: 1; Male: 1

Marker/System: Add, Edit, Remove, Move up, Move down, Mutations

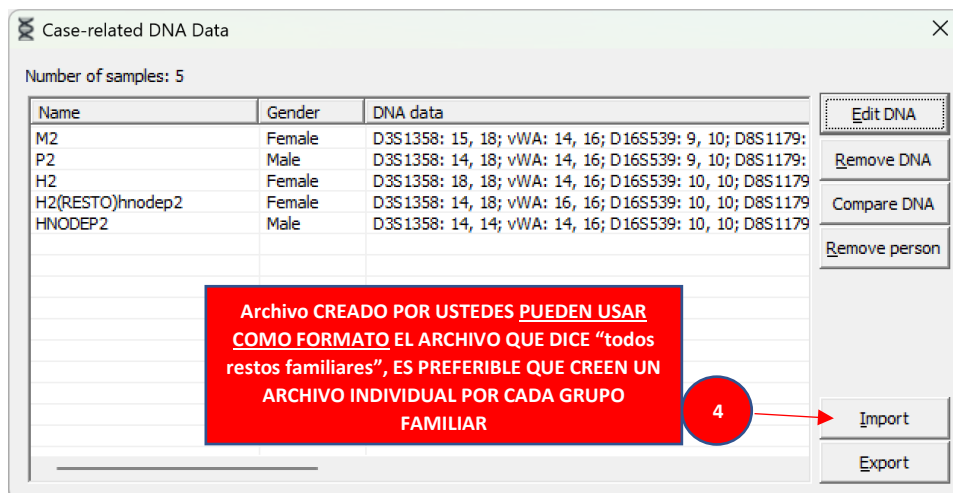
Database: Export, Import, Remove, Close

Archivo: "FRECUENCIAS" 1

2

3

Luego de ingresar las frecuencias, mutación y coancestralidad ir a **"Case relates DNA data"** e importar la genealogía como se puede observar en la siguiente figura:



Case-related DNA Data

Number of samples: 5

Name	Gender	DNA data
M2	Female	D3S1358: 15, 18; vWA: 14, 16; D16S539: 9, 10; D8S1179: 10, 11
P2	Male	D3S1358: 14, 18; vWA: 14, 16; D16S539: 9, 10; D8S1179: 10, 11
H2	Female	D3S1358: 18, 18; vWA: 14, 16; D16S539: 10, 10; D8S1179: 10, 11
H2(RESTO)hnodep2	Female	D3S1358: 14, 18; vWA: 16, 16; D16S539: 10, 10; D8S1179: 10, 11
HNODEP2	Male	D3S1358: 14, 14; vWA: 14, 16; D16S539: 10, 10; D8S1179: 10, 11

Edit DNA, Remove DNA, Compare DNA, Remove person, Import, Export

Archivo CREADO POR USTEDES PUEDEN USAR COMO FORMATO EL ARCHIVO QUE DICE "todos restos familiares", ES PREFERIBLE QUE CREEN UN ARCHIVO INDIVIDUAL POR CADA GRUPO FAMILIAR 4

Finalmente ir a **"Pedigrees"** para establecer las relaciones en le Ped1 y el Ped2 juntamente con el LR y probabilidad obtenida y las cuales también deberán registrar en **"cuadro de resultado"** como se mencionó anteriormente. Ped1 corresponde a todas las relaciones del árbol familiar que incluye los desaparecidos que hacen cotejo genético y el familiar con el que cotejan. En el caso de Ped2 solo serían las relaciones de los desaparecidos de ese grupo familiar sin el familiar.

En "Only report" se guarda las relaciones de parentesco usadas para Ped1 y Ped2 para completar en el cuadro de resultados final

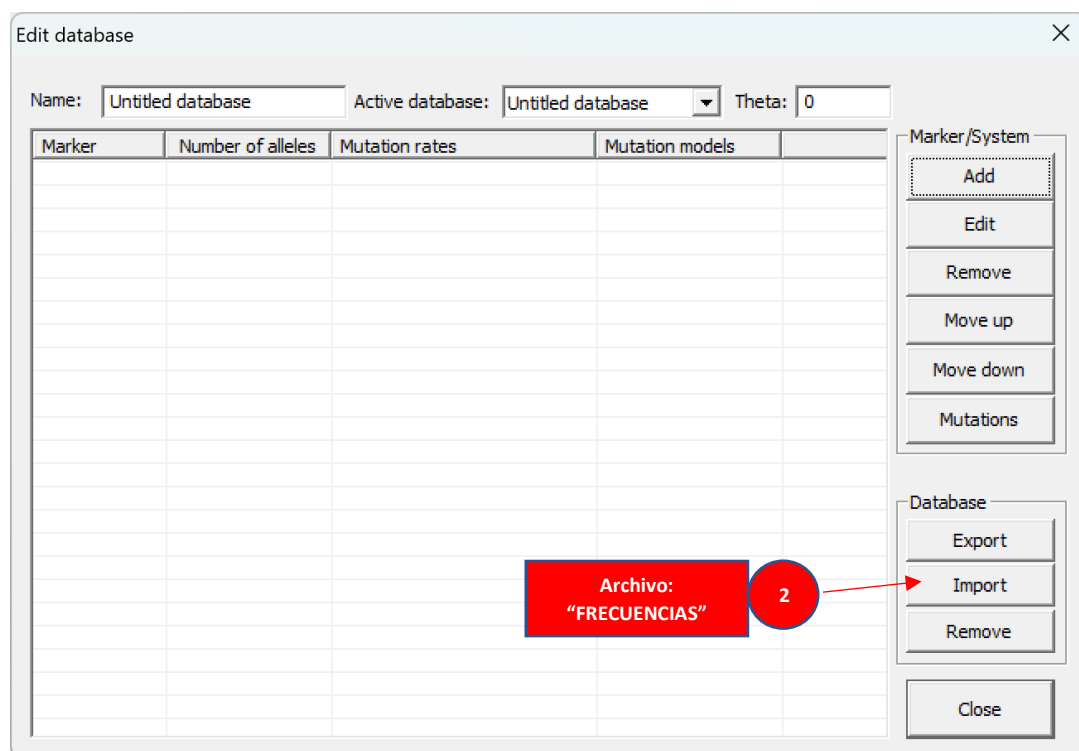
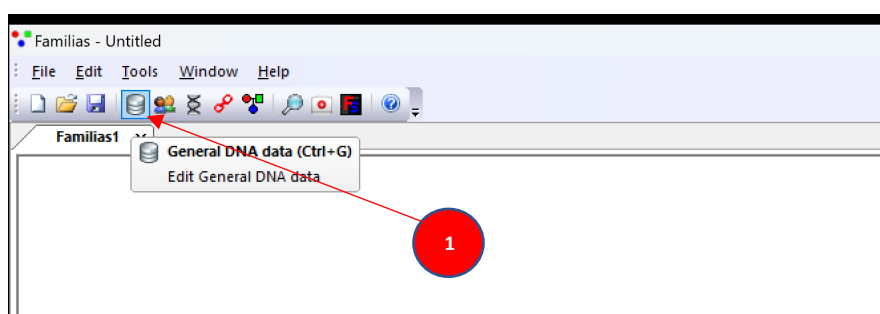
EJERCICIO DVI - ADN – NIVEL BASICO



4. ENVIO DE RESULTADOS:

- a. Los resultados se enviarán al email: adnsolucion@gmail.com con copia a control@slagf.org, mencionado el NÚMERO DE LABORATORIO asignado cuando solicitaron participar en el control.
- b. Deberán remitir el archivo Excel en **"cuadro de resultado"** que se encuentra en la carpeta **"Archivos Excel work"**. **En el archivo completar la información del cuadro de Excel, así como las preguntas del mismo archivo.**
- c. También deberán remitir con el cuadro Excel del punto b, los output del software Familias de los cálculos para las 8 genealogías como se mencionó anteriormente en este documento en la página 5 como **"Only report"**.
- d. Deberán incluir en el email enviando los resultados el nombre de uno o dos participantes de su laboratorio para poder colocarlos en la autoría de la publicación del ejercicio que se realizará posteriormente, donde mencionaran nombres completos, afiliación y correo electrónico. Se espera que esta gestión de publicación se realice en el cuarto trimestre del 2023.
- e. La metodología y resultados del ejercicio se presentará en las XIII Jornadas Latinoamericanas de Genética Forense en Santiago de Chile del 08 al 10 de Agosto del 2023.
- f. Consultas sobre dudas del ejercicio podrán realizarlas al correo: adnsolucion@gmail.com

ANEXOS – USO DEL MODULO DVI DEL FAMILIAS



EJERCICIO DVI - ADN – NIVEL BASICO

Edit database

Name: Active database: Theta:

Marker	Number of alleles	Mutation rates	Mutation models
D3S1358	9	Female: 0; Male: 0	Female: 1; Male: 1
vWA	11	Female: 0; Male: 0	Female: 1; Male: 1
D16S539	9	Female: 0; Male: 0	Female: 1; Male: 1
D8S1179	10	Female: 0; Male: 0	Female: 1; Male: 1
D21S11	18	Female: 0; Male: 0	Female: 1; Male: 1
D2S441	10	Female: 0; Male: 0	Female: 1; Male: 1
D19S433	15	Female: 0; Male: 0	Female: 1; Male: 1
TH01	6	Female: 0; Male: 0	Female: 1; Male: 1
FGA	16	Female: 0; Male: 0	Female: 1; Male: 1
D22S1045	10	Female: 0; Male: 0	Female: 1; Male: 1
SE33	42	Female: 0; Male: 0	Female: 1; Male: 1
D10S1248	10	Female: 0; Male: 0	Female: 1; Male: 1
D1S1656	17	Female: 0; Male: 0	Female: 1; Male: 1
D12S391	19	Female: 0; Male: 0	Female: 1; Male: 1
D2S1338	13	Female: 0; Male: 0	Female: 1; Male: 1

Marker/System

Add

Edit

Remove

Move up

Move down

Mutations

Database

Export

Import

Remove

Close

Mutation options

Male mutation model

Model:

Rate:

Range:

Rate 2:

Female mutation model

Model:

Rate:

Range:

Rate 2:

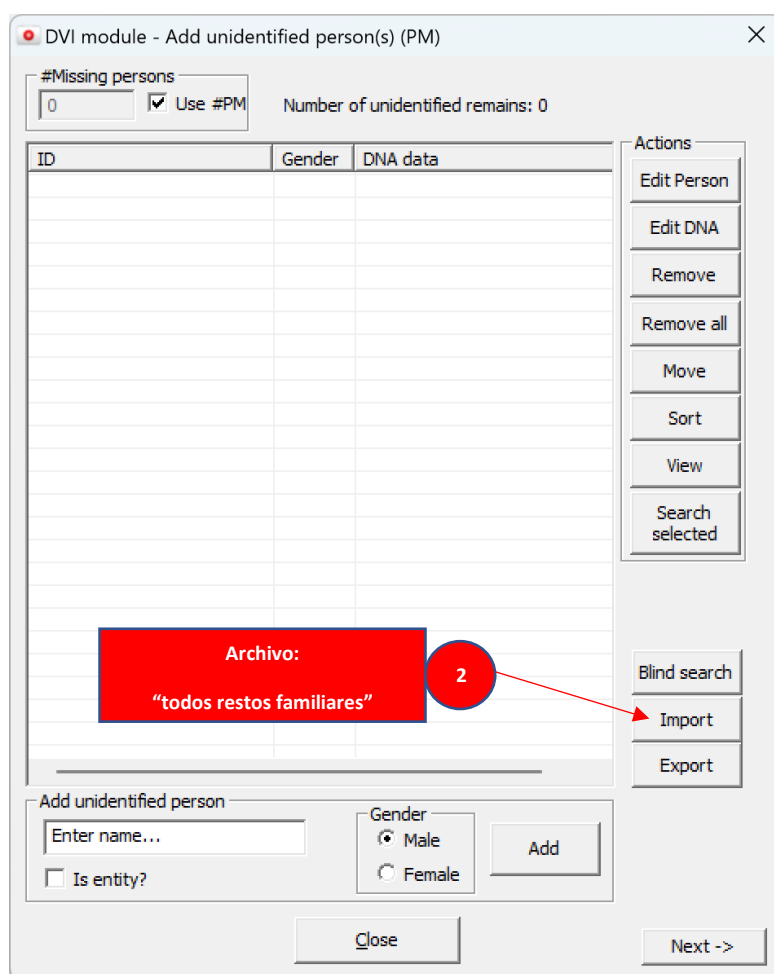
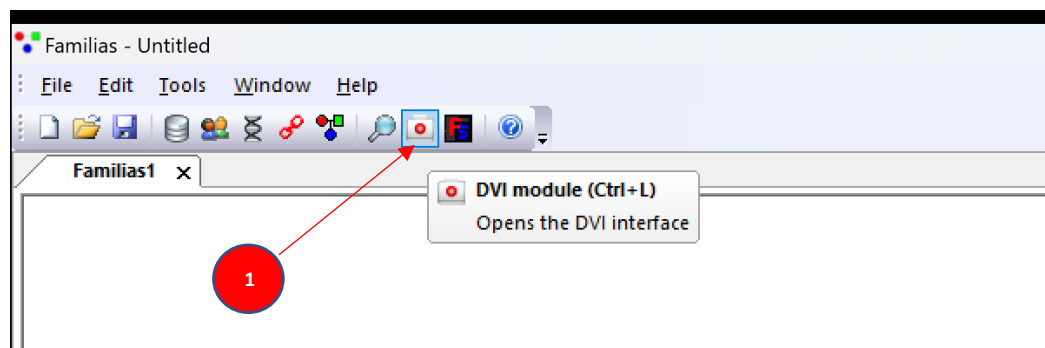
☐ Change model only

Apply to selected

Apply to all

Close

EJERCICIO DVI - ADN – NIVEL BASICO



**BUSQUEDA POR
BLIND SEARCH**

Blind search

This module performs a blind search on the imported data set. #Persons: 40, #Matches: 0

Person 1	Person 2	Gender match	Relationship	LR	Inconsistencies	Overlapping markers	Cluster	Share
<div style="position: relative; width: 100%; height: 100%;"> <div style="position: absolute; top: 50%; left: 50%; transform: translate(-50%, -50%); font-size: 2em; font-weight: bold; color: red; border: 2px solid blue; border-radius: 50%; width: 60px; height: 60px; display: flex; align-items: center; justify-content: center;">5</div> </div>								

Close

- New search
- View match
- Merge samples
- Remove
- Remove all
- Sort
- List samples
- ☐ Color clusters
- Export matrix
- Export list
- Report match
- Create summary

New search

Search options

Match threshold
1000

Theta (cM) parameter
0.03

☒ Find trios

Direct-match only
Dropin param.
[]

Dropout [] Typing error []

Relations

- Parent-Child
- Siblings
- Half-siblings
- Direct-match
- Cousins
- 2nd Cousins

Scale versus

- ☒ Unrelated
- ☐ 2nd cousins
- ☐ Cousins
- ☐ Siblings

Search Cancel

EJERCICIO DVI - ADN – NIVEL BASICO

Blind search

This module performs a blind search on the imported data set. #Persons: 40, #Matches: 49

Person 1	Person 2	Gender match	Relationship	LR	Inconsistencies	Overlapping markers	Cluster	S
P24	FAM11	-	Father-Son	9739412.5	0	15		
P24	MP21	-	Son-Father	9739412.5	0	15		
P21	FAM11	-	Father-Son	9739412.5	0	15		
P22	FAM10	-	Parent-Child	9479412.5	0	15		
P27	MP17	-	Father-Son	9089412.5	0	15		
P20	FAM6	-	Son-Father	9839412.5	0	15		
P6	MP19	-	Daughter...	9283750.5	0	15		
P22	MP17	-	Parent-Child	9762959.5	0	15		
P6	FAM10	-				15		
P23	MP14	-				15		
P18	FAM8	-				15		
P2	FAM2	-				15		
P3	MP22	-				15		
P5	FAM4	-				15		
P24	MP16	-				15		
P16	FAM11	-				15		
P23	MP2	-				15		
P4	FAM4	-				15		
P6	MP3	-				15		
P6	MP17	-				15		
P20	FAM5	-				15		
P21	MP16	-				15		
P22	MP15	-				15		
P6	MP28	-				15		
P20	FAM9	-				15		

ES RECOMENDABLE SOLO HACER LA BUSQUEDA POR RELACION PADRE-HIJO CONSIDERANDO PARA ELLO EL LR MAYORES A 1000, ES SIMILAR A REALIZAR UN BUSQUEDA DE COMPARACION DE PERFILES. ESTE ES EL SEGUNDO PASO PARA HACER EL RANKING LUEGO DE REALIAR LA BUSQUEDA POR HIPOTESIS DE PEDIGRÍ QUE ES EL QUE SE VA A MOSTRAR MAS ADELANTE

7

8

Close

New search
View match
Merge samples
Remove
Remove all
Sort
List samples
☐ Color clusters
Export matrix
Export list
Report match
Create summary

DVI module - Add unidentified person(s) (PM)

#Missing persons: 40 ☒ Use #PM Number of unidentified remains: 40

ID	Gender	DNA data
MP9	Male	D3S1358: 15, 16; vWA: 17,
MP8	Female	D3S1358: 16, 18; vWA: 14,
MP7	Female	D3S1358: 15, 16; vWA: 14,
MP6	Female	D3S1358: 15, 17; vWA: 16,
MP5	Female	D3S1358: 16, 16; vWA: 14,
MP4	Male	D3S1358: 16, 16; vWA: 17,
MP3	Male	D3S1358: 15, 18; vWA: 14,
MP29	Female	D3S1358: 16, 16; vWA: 16,
MP28	Female	D3S1358: 15, 17; vWA: 16,
MP27	Male	D3S1358: 15, 18; vWA: 16,
MP26	Male	D3S1358: 16, 17; vWA: 16,
MP25	Male	D3S1358: 18, 18; vWA: 16,
MP24	Male	D3S1358: 15, 16; vWA: 16,
MP23	Female	D3S1358: 18, 18; vWA: 14,
MP22	Female	D3S1358: 16, 18; vWA: 14,
MP21	Male	D3S1358: 15, 16; vWA: 16,
MP20	Male	D3S1358: 16, 16; vWA: 14,
MP2	Male	D3S1358: 14, 18; vWA: 14,
MP19	Female	D3S1358: 15, 17; vWA: 17,
MP18	Female	D3S1358: 15, 15; vWA: 14,
MP17	Male	D3S1358: 15, 18; vWA: 14,
MP16	Female	D3S1358: 15, 16; vWA: 17,
MP15	Female	D3S1358: 15, 18; vWA: 14,
MP14	Male	D3S1358: 14, 18; vWA: 16,
MP13	Male	D3S1358: 15, 18; vWA: 16,
MP12	Female	D3S1358: 14, 16; vWA: 14,

Actions

Edit Person
Edit DNA
Remove
Remove all
Move
Sort
View
Search selected

Blind search
Import
Export

Add unidentified person

Enter name... ☐ Male ☐ Female Add

☐ Is entity?

Close


1

Next ->

BUSQUEDA POR
HIPOTESIS DE PEDIGRÍ

Archivo:
"familiares"

ES RECOMENDABLE UNA VEZ QUE SE OBTUVO LA LISTA DE RESULTADO SOLO HACER EL RANKING CON EL LR MAYORES A 1000 Y NO CONSIDERAR LA PROBABILIDAD POSTERIOR. EL OBJETIVO ES ESTABLECER LOS GRUPOS FAMILIARES. ESTE ES EL PRIMER PASO AL HACER EL RANKING Y LUEGO SE COMPARA CON EL RANKING DE BLIND SEARCH ANTERIOR PARA COMPLETAR LAS IDENTIFICACION

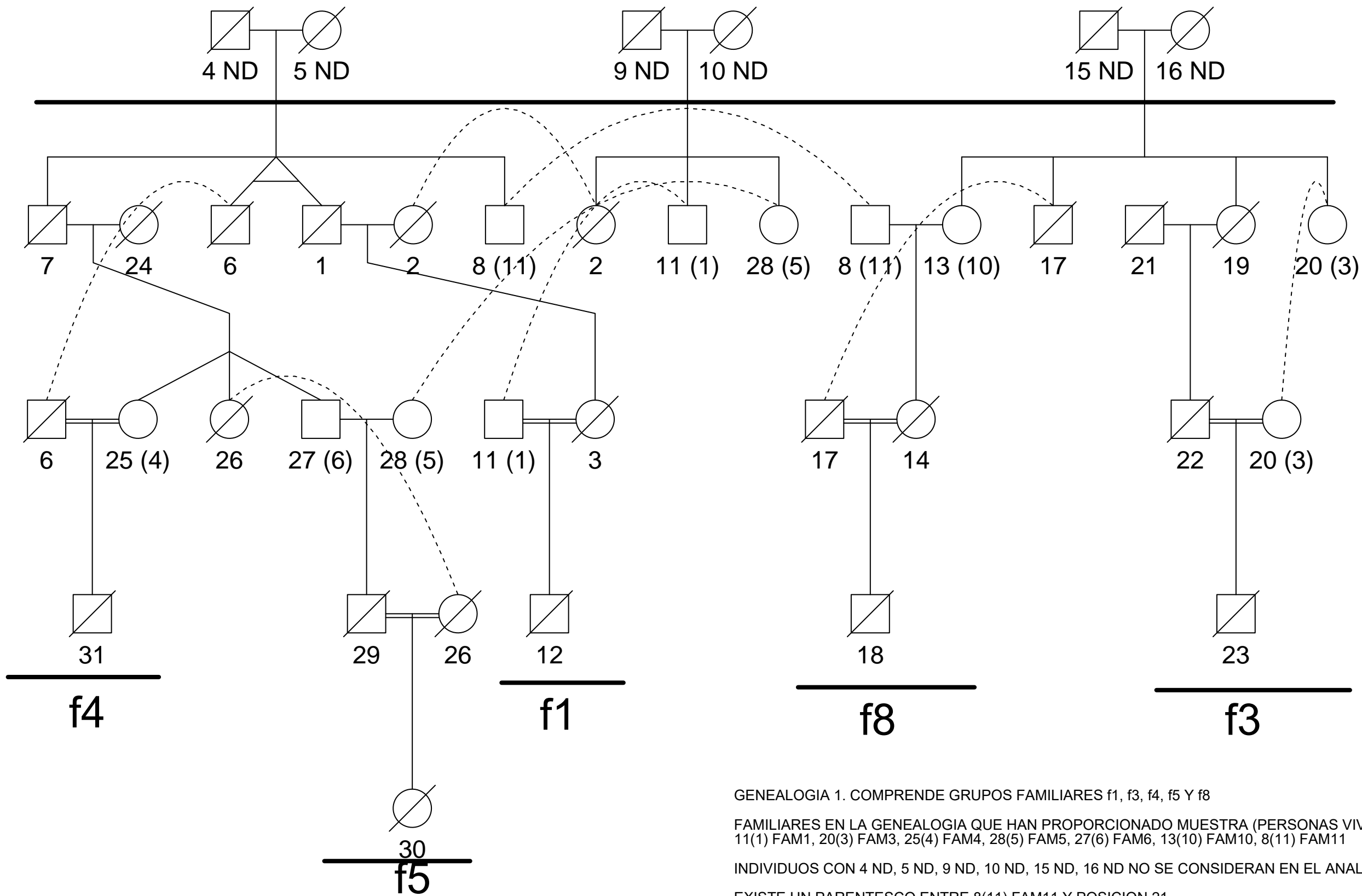


INFORMACION SOBRE FAMILIARES Y DESAPARECIDOS

FAMILIARES A LOS QUE SE LES COLECTO SANGRE Y SE ENTREVISTO PARA EL PEDIGREE

Grupo familiar	Familiar	Sexo	Edad (años)	Fallecido de su grupo familiar que buscan	Criterio de perfil de búsqueda	Edad del desaparecido
f1	FAM1	Masculino	50	Hermana	Hermano	60
				Esposo de su Hermana		55
				Esposa (hija de Hermana y Esposo de su Hermana)		34
				Hijo	Papa	16
f2	FAM2	Masculino	23	Esposa de su Hermano		40
				Hermano	Hermano	45
				Esposa (hija de Hermano y Esposo de su Hermano)		20
				Hijo	Papa	9 meses
f3	FAM3	Femenino	25	Hermana	Hermana	48
				Esposo de su Hermana		59
				Esposo (Hijo de Hermana y Esposo de Hermana)		25
				Hijo	Madre	1
f4	FAM4	Femenino	39	Mama	Hija	72
				Papa		74
				Esposo (Hijo de Mama y Papa)		55
				Hijo	Mama	20
f5	FAM5	Femenino	40	Hijo	Mama y Papa	18
	FAM6	Masculino	39	Hermana de FAM6 (Madre de Nieta)	Hermana y Hermano	39
				Nieta (hija de Hijo y Hermana de FMA6)		1
f6	FAM7	Masculino	55	Esposa		30
				Hija	Papa	20
				Hermano (Padre de Nieta con Hija)	Hermano	18
				Nieta		9 meses
f7	FAM8	Femenino	60	Hija	Mama y Papa	30
	FAM9	Masculino	51	Hermano de FAM8 (Padre de Nieta con Hija)	Hermana y Hermano	75
				Nieta		10
f8	FAM10	Femenino	53	Hija	Mama y Papa	35
	FAM11	Masculino	57	Hermano de FAM10 (Padre de Nieta hija)	Hermana y Hermano	50
				Nieto		10

*Las relaciones de parentesco entre familiar y desaparecido graficamente estan en las genealogias 1, 2 y 3 siguientes

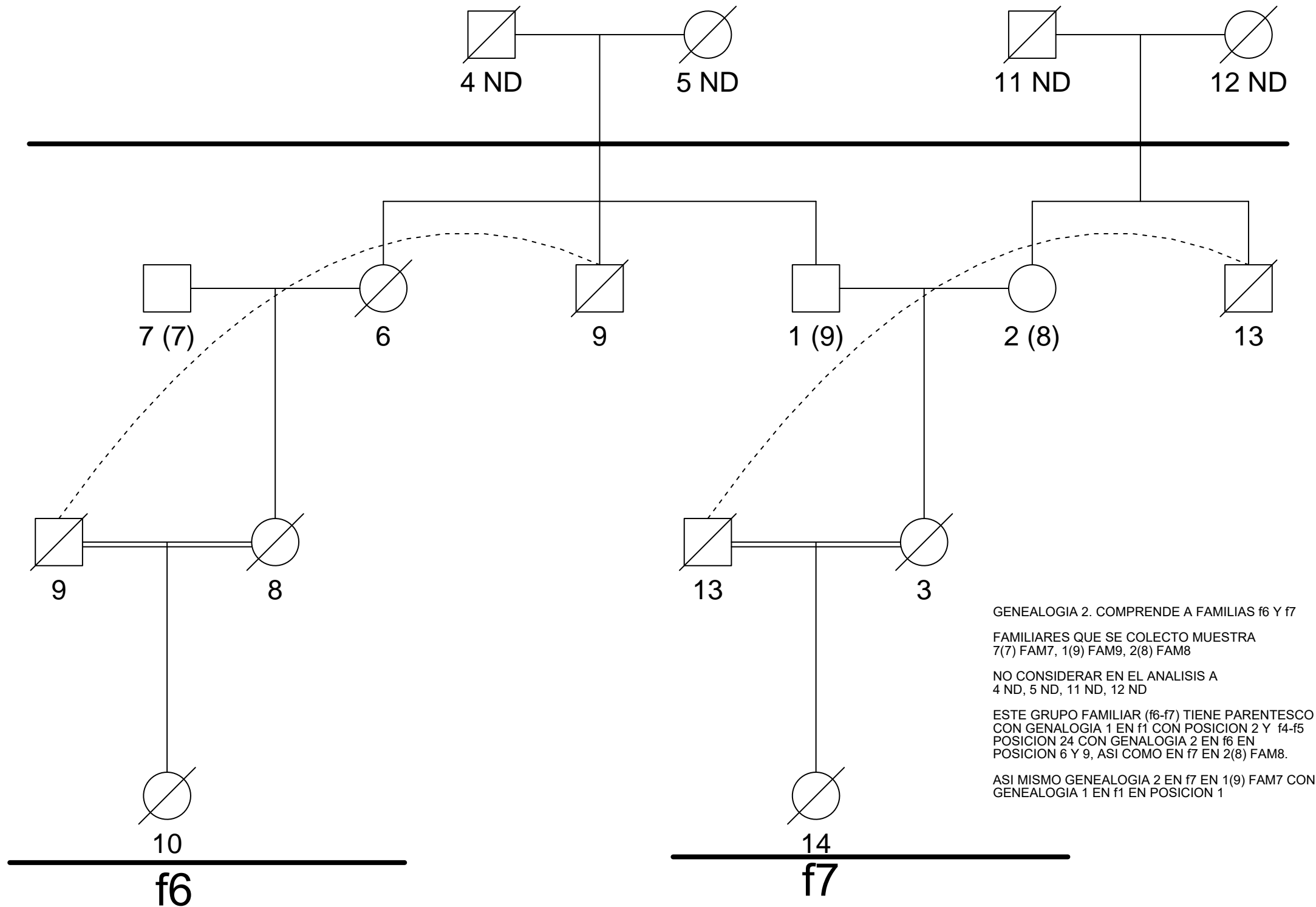


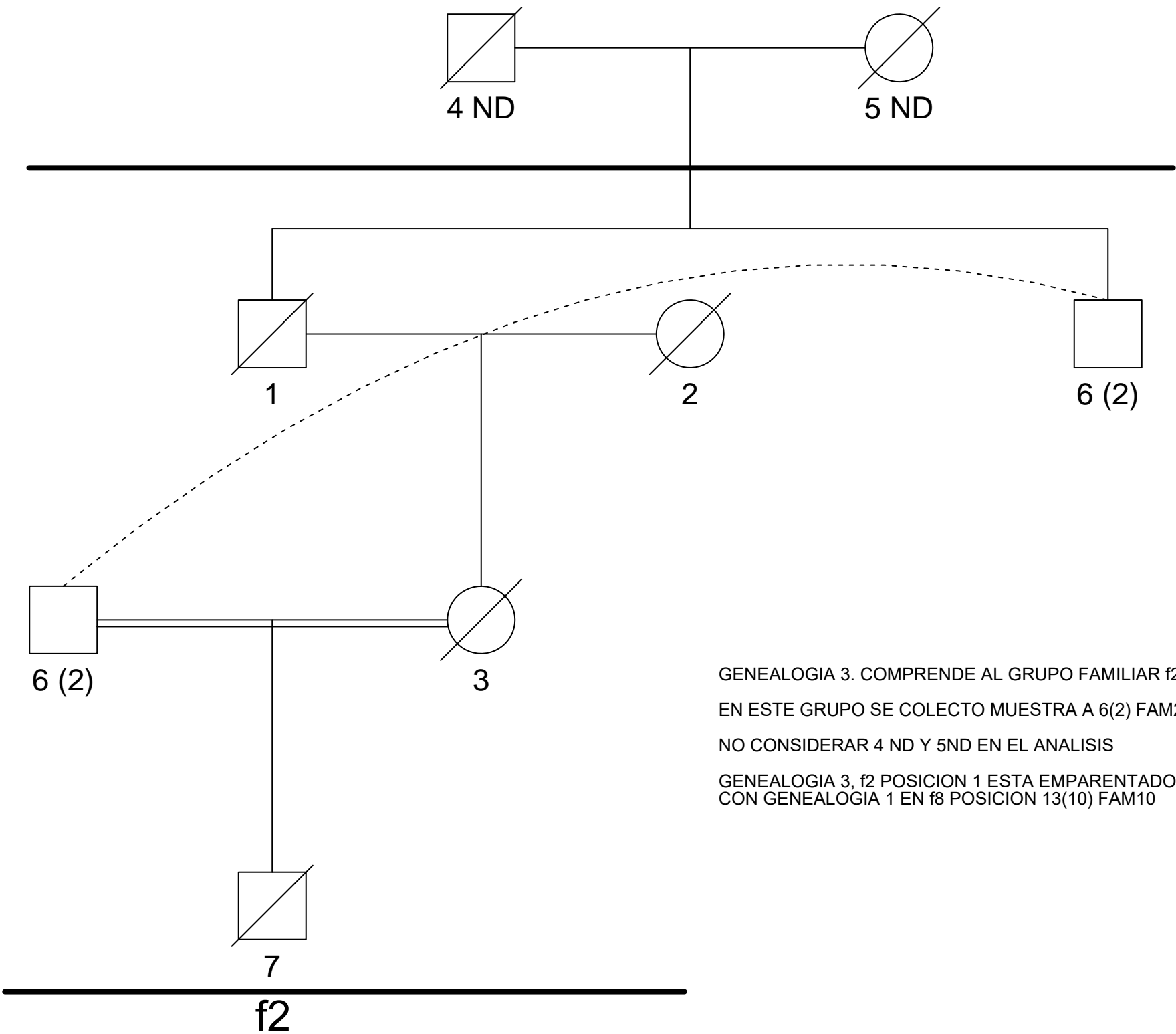
GENEALOGIA 1. COMPRENDE GRUPOS FAMILIARES f1, f3, f4, f5 Y f8

FAMILIARES EN LA GENEALOGIA QUE HAN PROPORCIONADO MUESTRA (PERSONAS VIVAS)
11(1) FAM1, 20(3) FAM3, 25(4) FAM4, 28(5) FAM5, 27(6) FAM6, 13(10) FAM10, 8(11) FAM11

INDIVIDUOS CON 4 ND, 5 ND, 9 ND, 10 ND, 15 ND, 16 ND NO SE CONSIDERAN EN EL ANALISIS

EXISTE UN PARENTESCO ENTRE 8(11) FAM11 Y POSICION 21





PERFILES GENETICOS DESAPARECIDOS Y FAMILIARES. INCLUYE EDAD ESTIMADA SOBRE RESTOS OSEOS ANALIZADOS

sample	Amelogenina 1	Amelogenina 2	D3S1358 1	D3S1358 2	WWA 1	WWA 2	D16S539 1	D16S539 2	D8S1179 1	D8S1179 2	D21S11 1	D21S11 2	D2S441 1	D2S441 2	D19S433 1	D19S433 2	TH01 1	TH01 2	FGA 1	FGA 2	D22S1045 1	D22S1045 2	SE33 1	SE33 2	D10S1248 1	D10S1248 2	D1S1656 1	D1S1656 2	D12S591 1	D12S591 2	D2S1338 1	D2S1338 2	Edad Estimada	POSICION (f1,f2,f3,f4,f5,f6,f7,f8)	Ranking Pedigree search	Ranking blind search
MP9	X	Y	15	16	17	17	11	13	10	12	28	29	10	11	13	15	9	9	22	24	15	17	18	19	13	14	12	16	19	19	17	19	75-80			
MP8	X	X	16	18	14	18	10	11	12	13	29	31.2	10	11.3	13.2	15	7	9.3	21	21	15	17	18	29.2	13	14	12	16	19	20	20	23	30-35			
MP7	X	X	15	16	14	17	10	13	10	13	28	30	10	11	13	14	6	9	22	24	15	16	18	19	13	15	12	16	19	21	17	20	5-10			
MP6	X	X	15	17	16	17	10	11	13	13	29	30	10	11	13	15	7	8	21	21	16	16	19	19	13	14	17.3	17.3	20	20	19	19	15-20			
MP5	X	X	16	16	14	17	10	11	10	10	28	30	10	11	13	15	6	6	21	22	15	15	19	19	13	13	12	16	19	21	20	20	0-1			
MP4	X	Y	16	16	17	18	11	13	10	13	28	28	11	11	13	15	6	7	21	21	15	16	18	19	13	13	16	16	19	19	20	20	70-75			
MP3	X	Y	15	18	14	16	10	13	12	12	28	31.2	10	11.3	13.2	15	7	9.3	21	25	15	17	18	28.2	13	14	12	16	19	19	17	20	20-25			
MP29	X	X	16	16	16	17	10	11	10	13	28	29	10	11	13	14	6	7	21	21	15	16	18	19	13	13	15	16	19	19	20	20	60-65			
MP28	X	X	15	17	16	16	10	11	10	13	28	30	10	11	15	15	8	8	21	22	16	16	19	19	14	14	15	17.3	20	20	19	19	0-1			
MP27	X	Y	15	18	16	16	10	10	12	12	28	30	10	11	13.2	13.2	7	7	25	25	17	17	18	29.2	15	15	12	12	20	20	23	23	45-50			
MP26	X	Y	16	17	16	17	11	11	10	10	28	28	10	10	13	15	6	8	22	22	15	16	18	19	14	14	15	16	19	20	19	20	15-20			
MP25	X	Y	18	18	16	16	13	13	12	12	28	28	10	10	13	15	7	9.3	25	25	16	17	18	19	14	15	12	16	19	19	19	20	0-1			
MP24	X	Y	15	16	16	18	10	13	13	13	28	29	10	10	15	15	7	7	21	21	15	15	18	19	13	14	16	16	20	20	20	20	50-55			
MP23	X	X	18	18	14	16	10	10	12	14	31.2	31.2	10	11.3	12	13.2	7	8	21	25	11	15	18	28.2	13	14	12	14	19	21	17	23	20-25			
MP22	X	X	16	18	14	14	10	11	12	12	28	31.2	11.3	14	13.2	13.2	7	9.3	24	25	17	17	18	29.2	14	16	12	16	19	19	17	23	45-50			
MP21	X	Y	15	16	16	18	10	13	13	13	28	29	10	11	15	15	7	7	21	21	15	15	18	19	13	14	16	16	20	20	20	20	50-55			
MP20	X	Y	16	16	14	18	11	11	10	10	30	30	11	11	13	15	7	9	21	22	15	15	17	19	13	13	12	17.3	19	21	20	20	15-20			
MP2	X	Y	14	18	14	16	9	10	12	14	31.2	31.2	11.3	11.3	13.2	13.2	8	9	21	24	11	15	19	28.2	14	15	12	17.3	17	19	17	19	45-50			
MP19	X	X	15	17	17	17	11	11	13	13	29	29	11	11	15	15	8	8	21	21	16	16	19	19	13	14	17.3	17.3	20	20	19	19	30-35			
MP18	X	X	15	15	14	16	10	13	12	13	29	30	10	11	13	14	6	9	22	22	16	17	18	19	13	15	16	16	19	21	19	20	25-30			
MP17	X	Y	15	18	14	16	10	11	12	12	28	29	11.3	11	13.2	13.2	7	7	21	25	15	17	18	29.2	14	15	12	16	19	20	23	23	5-10			
MP16	X	X	15	16	17	18	10	13	13	13	28	30	10	10	13	15	7	7	21	21	15	15	18	18	13	14	15	16	19	20	20	20	30-35			
MP15	X	X	15	18	14	16	9	10	12	12	30	31.2	10	14	12	13.2	7	9.3	22	25	16	17	18	29.2	13	16	14	16	19	21	20	23	40-45			
MP14	X	Y	14	18	16	16	10	10	12	14	31.2	31.2	11.3	11.3	12	13.2	8	8	22	25	11	15	28.2	28.2	13	15	14	17.3	18	19	19	23	0-1			
MP13	X	Y	15	18	16	16	13	13	13	13	30	31.2	10	10	15	15	7	7	21	21	15	15	28.2	29.2	13	14	14	16	19	20	20	20	55-60			
MP12	X	X	14	16	14	17	10	11	10	12	28	30	10	10	13	14	7	9	22	24	15	17	19	19	13	15	12	16	21	21	17	20	70-75			
MP11	X	Y	14	16	16	17	10	13	10	13	28	29	10	10	13	15	7	7	21	21	15	15	18	19	13	13	16	16	21	21	20	20	15-20			
MP10	X	X	16	16	15	17	11	10	10	13	28	29	10	14	13	13	6	6	21	22	15	17	18	19	13	15	16	16	19	21	17	19	35-40			
MP1	X	Y	15	17	17	18	10	11	10	13	30	30	10	10	13	14	7	8	21	22	15	16	18	19	13	14	15	17.3	19	19	20	20	15-20			
FAM9	X	Y	15	16	16	16	11	13	13	13	29	29	10	10	14	14	6	6	22	22	16	16	18	19	13	13	16	16	20	20	20	20	51			
FAM8	X	X	14	15	14	17	10	10	12	12	30	30	11	11	13	14	6	9	22	22	17	17	19	19	15	15	16	16	19	21	19	20	60			
FAM7	X	Y	15	17	16	18	10	11	13	13	30	30	10	11	13	14	7	7	21	21	15	16	18	19	13	13	16	17.3	19	20	19	19	55			
FAM6	X	Y	16	16	14	18	11	11	10	13	28	30	11	11	13	15	7	9	21	22	15	16	17	19	13	15	12	16	19	21	20	20	39			
FAM5	X	X	16	17	18	18	11	11	10	13	30	30	11	11	14	15	7	7	22	22	15	15	19	19	13	13	17.3	17.3	19	19	19	20	40			
FAM4	X	X	14	16	17	17	10	13	10	10	28	28	10	11	13	13	6	6	21	24	15	16	19	19	13	13	16	16	19	21	20	20	39			
FAM3	X	X	16	18	16	18	10	13	12	13	28	28	11	14	13	13.2	8	9.3	25	25	16	17	18	19	15	16	15	16	17	19	19	23	25			
FAM2	X	Y	14	14	14	16	10	10	10	14	28	31.2	11	11.3	13.2	13.2	9	9	21	22	15	15	19	28.2	14	15	12	17.3	18	19	19	19	23			
FAM11	X	Y	15	16	16	18	10	13	13	13	28	29	10	10	15	15	7	7	21	21	15	15	18	19	13	14	16	16	20	20	20	20	57			
FAM10	X	X	18	18	14	16	11	11	12	13	31.2	31.2	11.3	11.3	13.2	14	9.3	9.3	21	25	17	17	29.2	29.2	14	15	12	16	19	20	23	23	53			
FAM1	X	Y	16	17	16	18	11	11	10	10	28	30	10	11	14	14	7	7	21	22	16	16	19	19	14	14	16	17.3	18	19	20	20	50			

*Usar cuadro excel para la asignacion de desaparecidos y familiares a grupos de familias f1, f2, f3, f4, f5, f6, f7, f8

CUADRO DE RESULTADOS: ASIGNACION GRUPO FAMILIAR - LR Y PROBABILIDAD CON FAMILIAS PARA EL PEDIGREE

Grupo familiar	Familiar	Genealogia	Posicion en Genealogia	Codigo de Desaparecido asignando a grupo familiar (MP-XX)	Posicion en Genealogia	Valor de subestructura	Mutacion	Relacion de parentesco usada en FAMILIAS (Ped1)	Relacion de parentesco usada en FAMILIAS (Ped2)	Likehood Ratio (LR) del pedigree	Probabilidad del pedigree aprior 0.5*
f1	FAM1	1	11 (1)		1	0.03	0.001				
					2						
					3						
					12						
f2	FAM2	3	6 (2)		2	0.03	0.001				
					1						
					3						
					7						
f3	FAM3	1	20 (3)		19	0.03	0.001				
					21						
					22						
					23						
f4	FAM4	1	25 (4)		24	0.03	0.001				
					7						
					6						
					31						
f5	FAM5	1	28 (5)		29	0.03	0.001				
	FAM6		27 (6)		26						
					30						
f6	FAM7	2	7 (7)		6	0.03	0.001				
					8						
					9						
					10						
f7	FAM8	2	2 (8)		3	0.03	0.001				
	FAM9		1 (9)		13						
					14						
f8	FAM10	1	13 (10)		14	0.03	0.001				
	FAM11		8 (11)		17						
					18						

PREGUNTAS ADICIONALES

	SI	NO
1. ¿Ha usado el software FAMILIAS anteriormente?		
2. Si la Respuesta a la Pregunta 1 es Afirmitiva ¿ Ha usado el Modulo de identificacion en FAMILIAS anteriormente?		
3. ¿En su laboratorio se realiza o se ha realizado identificacion de personas desaparecidas que requiera de cotejos para busqueda de perfiles?		
4. ¿Ha realizado en algun momento algun ejercicio de identificacion de desaparecidos DVI interlaboratorio?		
5. (*)Conisderando la probabilidad aprio V2/(1-P) , donde V nuemro de victimas y P la probabilidad posteior esperada 99.9% con el nuemro de 29 victimas se obtiene un valor minimo e LR de 841000, ¿se podria identificar con ese limite a todos las familias?		
6. En caso que algunas familias no llegue a ese limite bajo que criterio se deberia concluir la identificacion considerando que es un caso cerrado	Mencionar su respuesta brevemente	