

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

Organiza Gian Carlo Iannacone, Delegado por Perú  
[peru@slagf.org](mailto:peru@slagf.org) [adnsolucion@gmail.com](mailto: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.

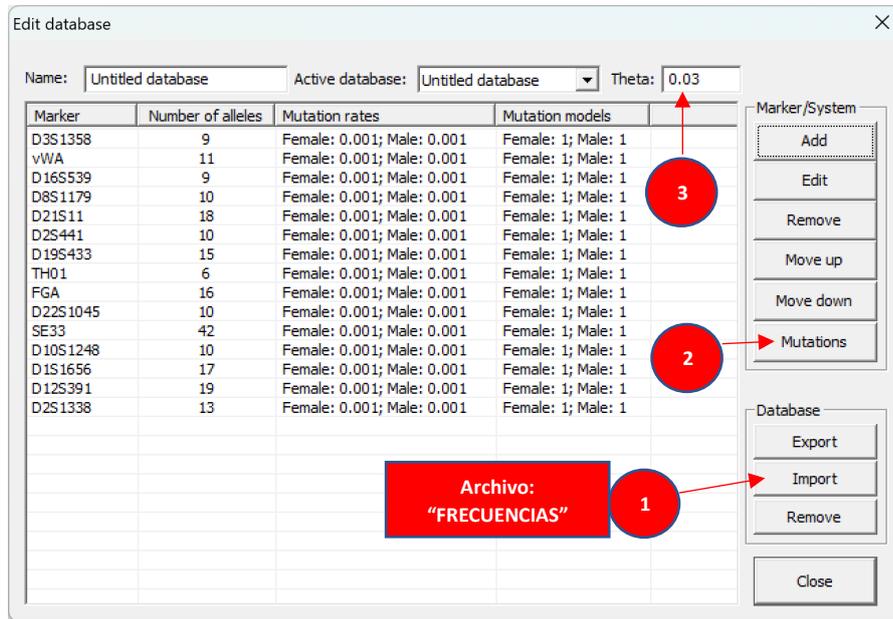
Una vez ubicados los 29 desaparecidos y 11 familiares (Sobrevivientes) en las genealogías deberán calcular el LR y la probabilidad de la hipótesis probando las hipótesis:

*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.*

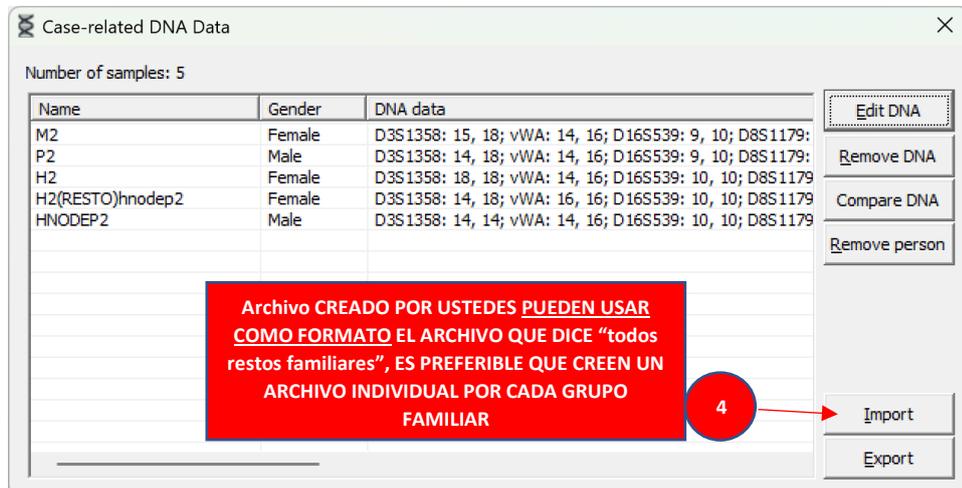
*H1 (Ped2): El (Los) sobreviviente(s) (familiares) no tiene(n) entroncamiento biológico con un grupo de desaparecidos, los cuales comparten cotejo genético entre sí en un árbol genealógico.*

- 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](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

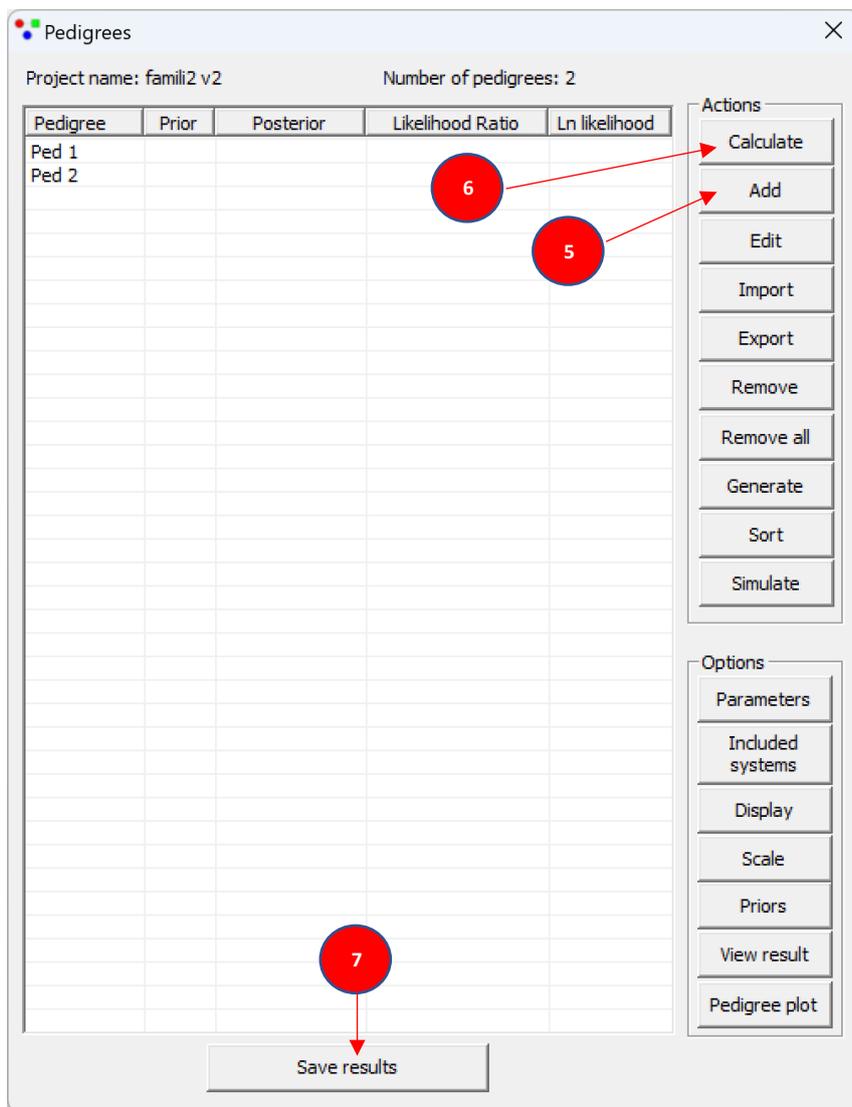


Luego de ingresar las frecuencias, mutación y coancestralidad ir a **“Case relates DNA data”** e importar la genealogía como se puede observar en la siguiente figura:



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.

# EJERCICIO DVI - ADN – NIVEL BASICO



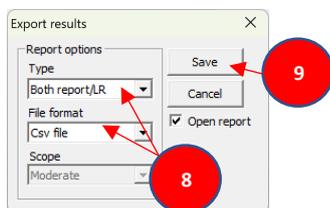
Project name: famili2 v2      Number of pedigrees: 2

Pedigree	Prior	Posterior	Likelihood Ratio	Ln likelihood
Ped 1				
Ped 2				

Actions: Calculate, Add, Edit, Import, Export, Remove, Remove all, Generate, Sort, Simulate

Options: Parameters, Included systems, Display, Scale, Priors, View result, Pedigree plot

Save results



Export results

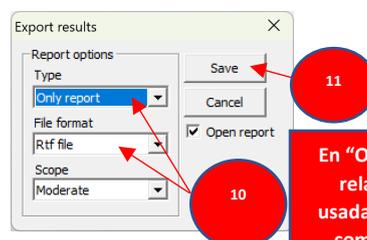
Report options

Type: Both report,LR

File format: Csv file

Scope: Moderate

Save, Cancel, Open report



Export results

Report options

Type: Only report

File format: Rtf file

Scope: Moderate

Save, Cancel, Open report

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](mailto:adnsolucion@gmail.com) con copia a [control@slagf.org](mailto: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](mailto:adnsolucion@gmail.com)



# EJERCICIO DVI - ADN – NIVEL BASICO



Edit database

Name:  Active database:  Theta:

Marker	Number of alleles	Mutation rates	Mutation models	Marker/System
D3S1358	9	Female: 0; Male: 0	Female: 1; Male: 1	<input type="button" value="Add"/> <input type="button" value="Edit"/> <input type="button" value="Remove"/> <input type="button" value="Move up"/> <input type="button" value="Move down"/> <input type="button" value="Mutations"/>  <input type="button" value="Export"/> <input type="button" value="Import"/> <input type="button" value="Remove"/>  <input type="button" value="Close"/>
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	

Mutation options

Male mutation model

Model:  Rate:  Range:  Rate 2:

Female mutation model

Model:  Rate:  Range:  Rate 2:

Change model only





# 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
P21	PAN11	0	Father-Son	9738128.1	0	1.5		
P21	PAN11	0	Father-Son	9738128.1	0	1.5		
P22	PAN10	0	Parent-Child	9479133	0	1.5		
P27	MP17	0	Father-Son	9288280	0	1.5		
P20	PAN6	0	Son-Father	9036066.3	0	1.5		
P5	MP19	0	Daughter...	9037701.6	0	1.5		
P22	MP17	0	Parent-Child	9032037.3	0	1.5		
P5	PAN10	0			0	1.5		
P23	MP14	0			0	1.5		
P18	PAN8	0			0	1.5		
P2	PAN2	0			0	1.5		
P3	MP22	0			0	1.5		
P5	PAN4	0			0	1.5		
P24	MP16	0			0	1.5		
P16	PAN11	0			0	1.5		
P23	MP2	0			0	1.5		
P4	PAN4	0			0	1.5		
P5	MP3	0			0	1.5		
P8	MP17	0			0	1.5		
P20	PAN5	0			0	1.5		
P21	MP16	0			0	1.5		
P22	MP15	0			0	1.5		
P5	MP20	0			0	1.5		
P23	MP29	0			0	1.5		
P28	MP28	0			0	1.5		
P27	MP27	0			0	1.5		
P26	MP26	0			0	1.5		
P25	MP25	0			0	1.5		
P24	MP24	0			0	1.5		
P23	MP23	0			0	1.5		
P22	MP22	0			0	1.5		
P21	MP21	0			0	1.5		
P20	MP20	0			0	1.5		
P19	MP19	0			0	1.5		
P18	MP18	0			0	1.5		
P17	MP17	0			0	1.5		
P16	MP16	0			0	1.5		
P15	MP15	0			0	1.5		
P14	MP14	0			0	1.5		
P13	MP13	0			0	1.5		
P12	MP12	0			0	1.5		

**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...

Is entity?

Gender:  Male  Female

Add

Close

1

Next ->

**BUSQUEDA POR HIPOTESIS DE PEDIGRÍ**



**EJERCICIO DVI - ADN – NIVEL BASICO**

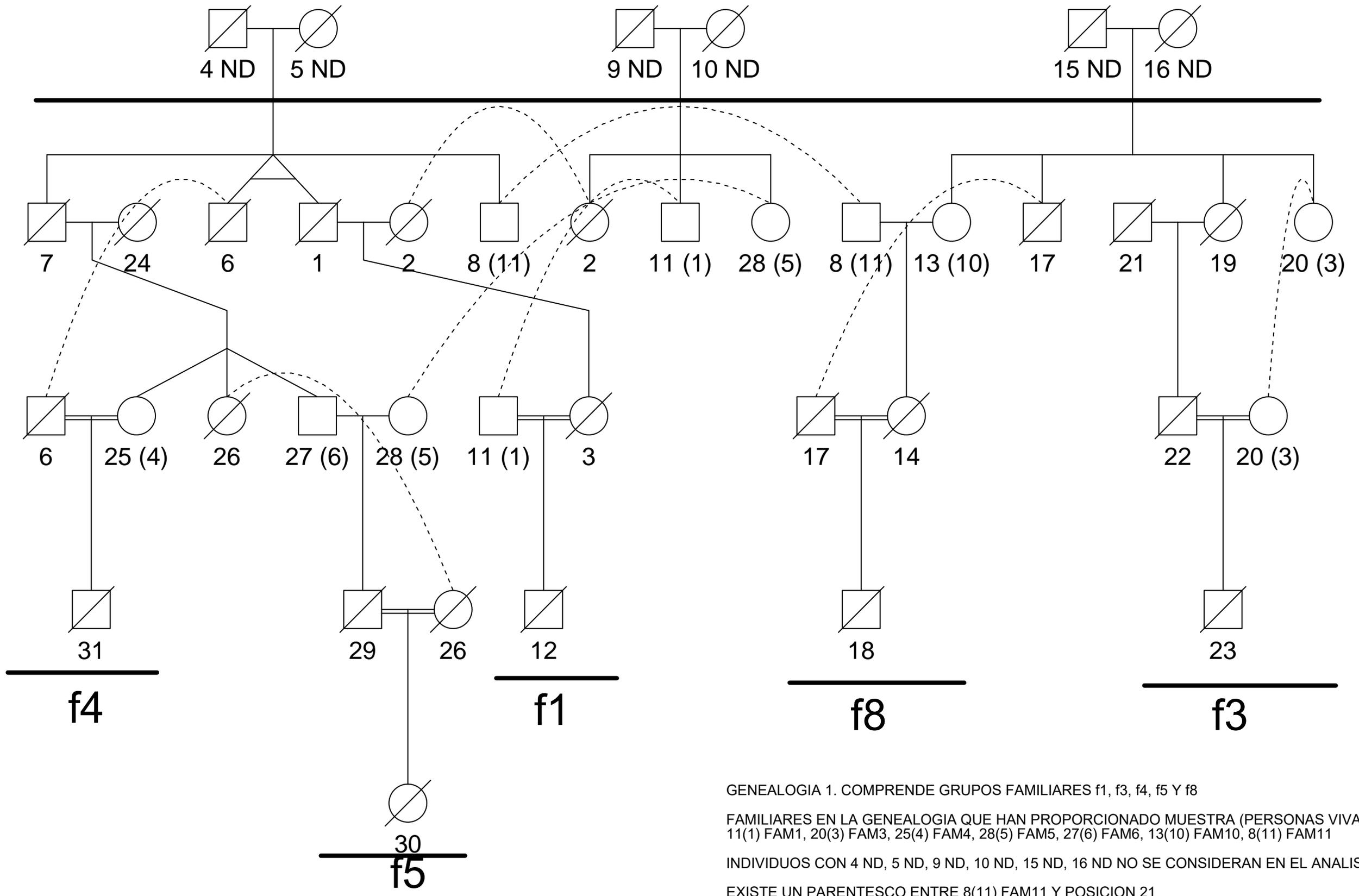


# INFORMACION SOBRE FAMILIARES Y DESAPARECIDOS

## 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	Hermano	40	
				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	Papa	30	
				Hija		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

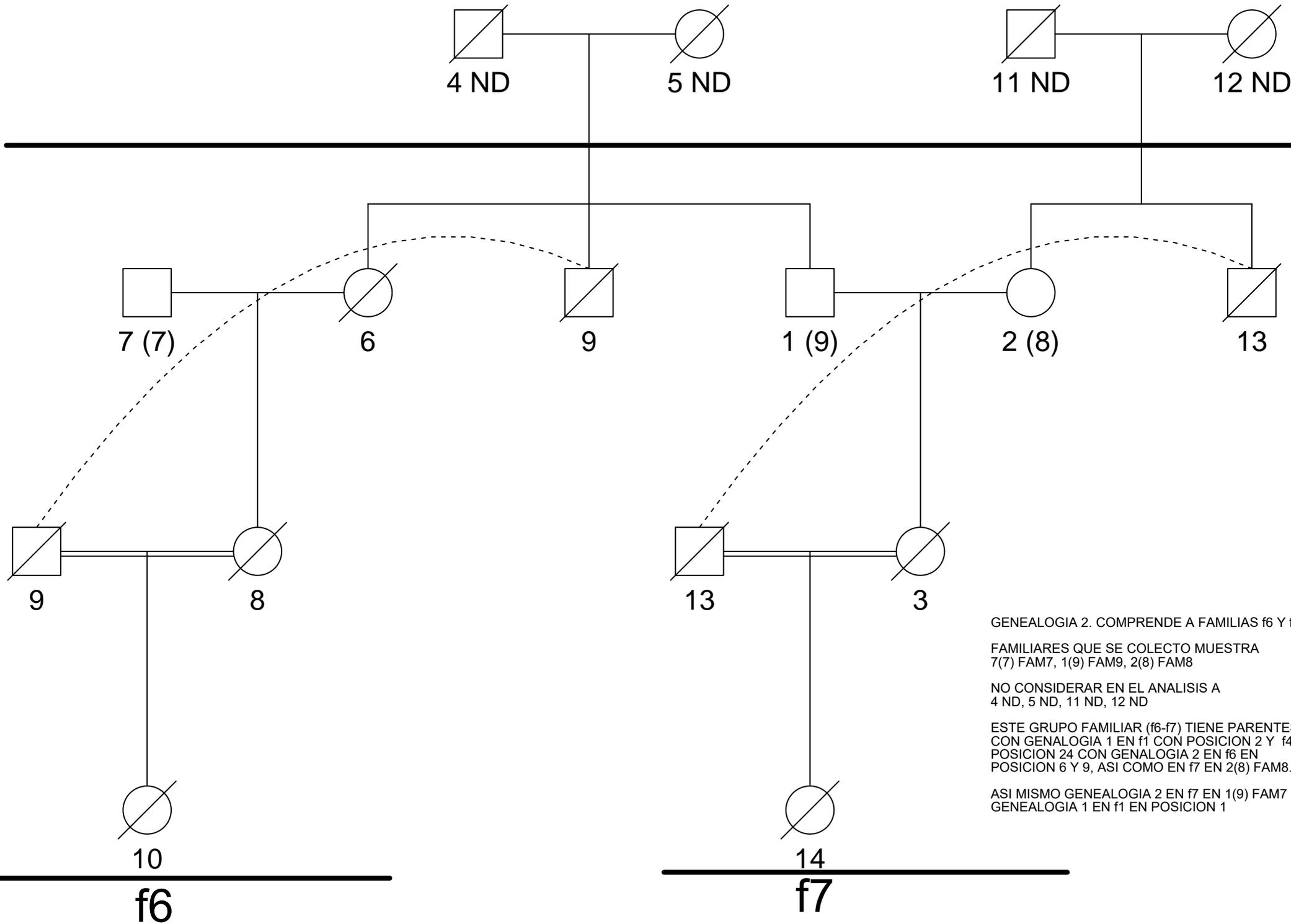


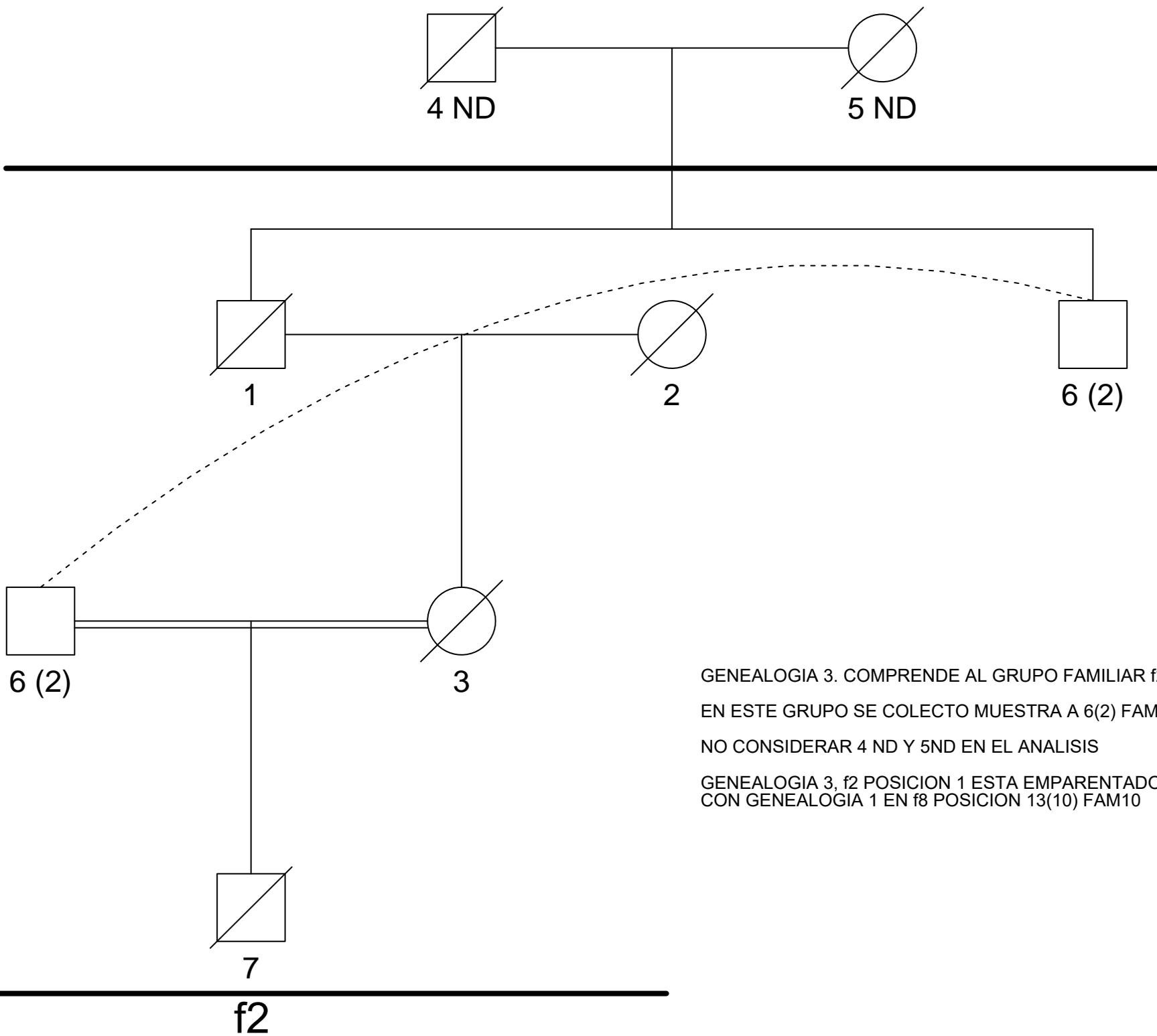
GENEALOGIA 1. COMPRENDE GRUPOS FAMILIARES f1, f3, f4, f5 Y f8

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





GENEALOGIA 3. COMPRENDE AL GRUPO FAMILIAR f2  
 EN ESTE GRUPO SE COLECTO MUESTRA A 6(2) FAM2  
 NO CONSIDERAR 4 ND Y 5ND EN EL ANALISIS  
 GENEALOGIA 3, f2 POSICION 1 ESTA EMPARENTADO  
 CON GENEALOGIA 1 EN f8 POSICION 13(10) FAM10

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	19	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	19	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 asignado 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	27 (6)		28 (5)	0.03	0.001					
	FAM6				29							
					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				13							
					14							
					1							
f8	FAM10	1	13 (10)		14	0.03	0.001					
												17
												18
				FAM11								8 (11)

**PREGUNTAS ADICIONALES**

	SI	NO
1. ¿Ha usado el software FAMILIAS anteriormente?		
2. Si la Respuesta a la Pregunta 1 es Afirmativa ¿ 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 posteiror 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	