

Informe: **XXDPAA-YYY / XXDPAA-YYY**Fecha recepción: DD de mes de AAAA
DD de mes de AAAA

Fecha de informe: DD de mes de AAAA

Solicitante: Nombre Apellido

Dirección de envío:
correo electrónico

HERMANDAD

Página 1 | 5

Informe de resultados – PRUEBA DE PARENTESCO HERMANDAD

El día DD de mayo de AAAA fueron recibidas en el laboratorio Citogen (Cº del Pílon 86, Zaragoza) procedentes de xxxx 2 muestras indubitadas de frotis bucal pertenecientes a **INDIVIDUO 1** (*documentación xxx*; nº laboratorio XXDPAA-YYY.N, XXDPAA-YYY.N), quien presta consentimiento para la toma de sus muestras biológicas y aporta como documento identificativo su *documentación xxx* en vigor. Las muestras han sido recogidas y transportadas siguiendo los protocolos de cadena de custodia instaurados por el Centro receptor.

El DD de mayo de AAAA fueron recibidas en el laboratorio Citogen (Cº del Pílon 86, Zaragoza) procedentes xxx 2 muestras indubitadas de frotis bucal pertenecientes a **INDIVIDUO 2** (*documentación xxx*; nº laboratorio XXDPAA-YYY.N, XXDPAA-YYY.N), quien presta consentimiento para las tomas de las muestras biológicas y aporta como documento identificativo su *documentación xxx* en vigor. Las muestras han sido recogidas y transportadas siguiendo los protocolos de cadena de custodia instaurados por el Centro receptor.

Se solicita proceder a la investigación biológica de hermandad por parte de padre entre INDIVIDUO 1 e INDIVIDUO 2.

METODOLOGÍA EMPLEADA

- EXTRACCIÓN Y CUANTIFICACIÓN DE ADN**

El ADN fue extraído a partir de la muestra XXDPAA-YYY.N y XXDPAA-YYY.N mediante el protocolo de extracción automática con EZ1 ADVANCED XL de QIAGEN. Posteriormente, el ADN se cuantificó mediante PCR a tiempo real ("kit Investigator® Quantiplex® Pro" de QIAGEN) en un equipo 7500 Real Time PCR de Applied BioSystems.

Informe: **XXDPAA-YYY / XXDPAA-YYY**Fecha recepción: DD de mes de AAAA
DD de mes de AAAA

Fecha de informe: DD de mes de AAAA

Solicitante: Nombre Apellido

Dirección de envío:
correo electrónico

HERMANDAD

Página 2 | 5

- **MARCADORES MOLECULARES/POLIMORFISMOS DEL ADN**

La preparación de librerías y amplificación de loci marcadores se llevó a cabo mediante la tecnología ForenSeq™ MainstAY Kit (Verogen), que permite el análisis de 27 STRs (Short Tandem Repeat) autosómicos de localizaciones cromosómicas diferentes, (**D1S1656, TPOX, D2S441, D2S1338, D3S1358, D4S2408, FGA, D5S818, CSF1PO, D6S1043, D7S820, D8S1179, D9S1122, D10S1248, TH01, vWA, D12S391, D13S317, PentaE, D16S539, D17S1301, D18S51, D19S433, D20S482, D21S11, PentaD, D22S1045**) y **Amelogenin**. Los alelos, para todas las regiones detalladas, han sido identificados mediante secuenciación NGS en un secuenciador de nueva generación MiSeqFGx (Verogen) y los resultados analizados utilizando el software ForenSeq™ Universal Analysis (Verogen).

Los cálculos de la probabilidad de parentesco y del Índice de parentesco se realizan a partir de frecuencias correspondientes a las bases de datos de población global (base de datos popSTR <http://spsmart.cesga.es/popstr.php>).

Todos los procedimientos de extracción, cuantificación y análisis de ADN se llevan a cabo según los procedimientos internos PNT 02, PNT 03, PNT 08 y PNT 09.

Informe: **XXDPAA-YYY / XXDPAA-YYY**

Fecha recepción: DD de mes de AAAA
DD de mes de AAAA

Fecha de informe: DD de mes de AAAA

Solicitante: Nombre Apellido

Dirección de envío:
correo electrónico

HERMANDAD

Página 3 | 5

DETERMINACIÓN DE LOS GENOTIPOS

Sistemas	P. Hermana (I1) XXDPAA-YYY.N	P. Hermana (I2) XXDPAA-YYY.N
D1S1656	12/16	12/16
TPOX	9	9
D2S441	11/14	11/14
D2S1338	25	25
D3S1358	16/18	16/18
D4S2408	6	6
FGA	22/27	22/27
D5S818	13/15	13/15
CSF1PO	12/16	12/16
D6S1043	10/19	10/19
D7S820	7/14	7/14
D8S1179	13/14	13/14
D9S1122	15	15
D10S1248	13/17	13/17
TH01	6/7	6/7
vWA	14/18	14/18
D12S391	18/22	18/22
D13S317	12/13	13/19
PentaE	14/15	12/15
D16S539	7/11.2	8/12.2
D17S1301	18	18
D18S51	15	15
D19S433	13/17	13/17
D20S482	12/19	13/19
D21S11	29.2/35.2	26.2/35.2
PentaD	12	12
D22S1045	14/17	14/19
Amelogenin	X	X



El resultado del presente informe solo afecta a las muestras sometidas a ensayo.
Este informe no podrá ser reproducido salvo autorización expresa de Citogen S.L.U.
cagt@cagt.es www.cagt.es Tel.:976556484 615854089

Informe: **XXDPAA-YYY / XXDPAA-YYY**

Fecha recepción: DD de mes de AAAA
DD de mes de AAAA

Fecha de informe: DD de mes de AAAA

Solicitante: Nombre Apellido

Dirección de envío:
correo electrónico

HERMANDAD

Página 4 | 5

ANÁLISIS ESTADÍSTICO

Para llevar a cabo el estudio estadístico, con el fin de esclarecer la posible relación de hermandad por parte de padre entre INDIVIDUO 1 y INDIVIDUO 2 se considera cierta la siguiente premisa:

- INDIVIDUO 1 y INDIVIDUO 2 son hermanas biológicas por parte de madre.

En el desarrollo del estudio estadístico derivado de los datos genéticos obtenidos, se plantean dos hipótesis:

- H1: "INDIVIDUO 1 y INDIVIDUO 2 son hermanas biológicas por parte de padre y madre".
- H2: "INDIVIDUO 1 y INDIVIDUO 2 son hermanas biológicas solamente por parte de madre".

El Índice de parentesco (IP) o índice de verosimilitud (LR) expresa el cociente entre las probabilidades de los perfiles genéticos obtenidos, asumiendo cada una de las hipótesis.

La probabilidad de parentesco a posteriori (W) se calcula asignando una probabilidad a priori del 50%, es decir, las mismas probabilidades a priori de ser hermanos por parte de padre como de no serlo.

CONCLUSIÓN

El análisis estadístico de las dos hipótesis planteadas, basado en los datos genéticos obtenidos, ha concedido un índice de parentesco (IP) de **NNNNNNN,N** y una probabilidad a posteriori (W) de **NN,NNNNNN%** favorables a la hipótesis **H1: "INDIVIDUO 1 y INDIVIDUO 2 son hermanas biológicas por parte de padre y madre".**

Fdo.:

Fdo.:

Directora Técnica
Colegiada Nº XXXXX-ARN (COB)

Especialista Forense
Colegiado Nº XXX-ARG (COB)



Informe: **XXDPAA-YYY / XXDPAA-YYY**

Fecha recepción: DD de mes de AAAA

DD de mes de AAAA

Fecha de informe: DD de mes de AAAA

Solicitante: Nombre Apellido

Dirección de envío:
correo electrónico

HERMANDAD

Página 5 | 5

ANEXO I

Consideraciones científico-legales

Para determinar el Índice de Parentesco (IP) o índice de verosimilitud (LR) y la Probabilidad de parentesco (W), se realiza un análisis estadístico con el programa FAMILIAS en base a las frecuencias alélicas de la población. Las frecuencias alélicas que se utilizan para dichos cálculos serán las publicadas en la base de datos popSTR <http://spsmart.cesga.es/popstr.php>.

Los cálculos se realizan introduciendo los perfiles genéticos de todos los individuos implicados en el parentesco, así como las relaciones seguras entre ellos, si se disponen.

Índice de Parentesco o índice de verosimilitud y Probabilidad de parentesco

El Índice de Parentesco (IP) o índice de verosimilitud (LR) expresa el cociente entre las probabilidades de las dos hipótesis planteadas: individuos relacionados frente a no relacionados.

$$IP = X/Y$$

X es la probabilidad de los perfiles asumiendo la hipótesis de parentesco.

Y es la probabilidad de los perfiles asumiendo que los donantes de las muestras corresponden a dos individuos al azar de la población no relacionados genéticamente.

La probabilidad de parentesco (W) expresa la probabilidad de que los individuos tengan parentesco entre ellos, a la vista de los resultados obtenidos en los diferentes marcadores genéticos analizados. Para realizar estos cálculos se parte de una probabilidad de parentesco a priori de 0.5, es decir, existen las mismas probabilidades de estar emparentados como de no estarlo.

$$W = p*IP / (p*IP + 1-p)$$