UNIVERSIDAD SAN PEDRO
VICERRECTORADO DE INVESTIGACIÓN
FACULTAD DE CIENCIA DE LA SALUD

Tesis para obtener el Título de licenciado en Laboratorio Clínico y Anatomía Patológica

PRUEBA DE PATERNIDAD MEDIANTE LA TÉCNICA DE SECUENCIACIÓN DEL ADN COMPLEMENTARIO EN SANGRE E HISOPADO BUCAL DE PACIENTES ATENDIDOS EN UN LABORATORIO PRIVADO DE LIMA PERÚ 2024

Autor:

Reynoso Palacios, Giovana Victoria

Asesor:

Quispe Villanueva, Manuel Sixto Código ORCID: 0000 0001 6120 8399

Chimbote – Perú

2024

Índice

	Pág
Índice general	i
Índice de tablas	ii
Palabras clave	iii
Constancia de originalidad	iv
Titulo	v
Resumen	vi
Abstract	vii
Introducción	1
Metodología	17
Resultados	18
Análisis y discusión	25
Conclusiones	28
Recomendaciones	29
Referencias bibliográficas	30
Anexos	33

Índice de tablas

N°	Título de tabla	Pág
1	Descripción de las frecuencias de los diferentes tipos de muestras analizadas mediante prueba molecular en el área del laboratorio Corporación Genes de Lima durante el 2024.	18
2	Descripción de las frecuencias de los diferentes tipos de relaciones familiares analizadas mediante prueba molecular en el área del laboratorio Corporación Genes de Lima durante el 2024.	19

Palabras clave:

Genética Forense, ADN complementario, Prueba de paternidad

Key words:

Forensic Genetics, DNA Complementary, Prueba de paternidad

Línea de Investigación

Área	Ciencias médicas y de salud
Sub área	Ciencias de la salud
Disciplina	Salud publica
Línea de investigación	Biología molecular

Constancia de originalidad

USP UNIVERSIDAD SAN PEDRO | VICERRECTORADO DE INVESTIGACIÓN

CONSTANCIA DE ORIGINALIDAD

El que suscribe, Vicerrector de Investigación de la Universidad San Pedro:

HACE CONSTAR

Que, de la revisión del trabajo titulado **"Prueba de paternidad mediante la técnica de secuenciación del ADN complementario en sangre e hisopado bucal de pacientes atendidos en un laboratorio Privado de Lima Perú 2024"** del (a) estudiante: **REYNOSO PALACIOS GIOVANA VICTORIA**, identificado(a) con Código Nº **3017200115**, se ha verificado un porcentaje de similitud del **12%**, el cual se encuentra dentro del parámetro establecido por la Universidad San Pedro mediante resolución de Consejo Universitario Nº 5037-2019-USP/CUpara la obtención de grados y títulos académicos de pre y posgrado, así como proyectos de investigación anual Docente.

Se expide la presente constancia para los fines pertinentes.

Chimbote, 04 de marzo de 2025

UNIVERSIDAD SAN PEDRO
VICERRECTORADO DE INVESTIGACIÓN
Dr. JAVIER MARTÍNEZ CARRIÓN
VICERRECTOR

NOTA:

Este documento carece de valor si no tiene adjunta el reporte del Software TURNITIN.

Título en español

Prueba de paternidad mediante la técnica de secuenciación del ADN complementario en sangre e hisopado bucal de pacientes atendidos en un laboratorio Privado de Lima Perú 2024.

Title in english

Paternity test using the complementary DNA sequencing technique in blood and oral swab of patients treated in a Private laboratory in Lima Peru 2024.

Resumen

El área de laboratorio Corporación Genes de Lima se realizan pruebas de paternidad, motivo por el cual se consideró como objetivo describir la prueba de paternidad mediante la técnica de secuenciación del ADN complementario en sangre e hisopado bucal de pacientes atendidos en el laboratorio Corporación Genes Lima Perú durante el 2024. El estudio es justificable dado que es necesario contribuir al arte de la técnica de la prueba de paternidad en nuestro País. La metodología evidencia que la investigación científica fue de tipo aplicada y según su alcance de tipo descriptiva siendo una investigación documental porque se recopiló los datos de los registros del laboratorio. La población - muestra estuvo constituida por 208 registros de la prueba molecular de paternidad atendidos de enero a junio del año 2024. El diseño muestral fue no experimental debido a que se utilizaron todos los datos ocurridos en los meses mencionados de dicho año. Se empleó como instrumento de investigación una ficha de recolección de datos, los datos fueron analizados mediante la estadística descriptiva. Finalmente, los resultados demuestran que la prueba es eficiente.

Abstract

The laboratory area Corporación Genes de Lima performs paternity tests, which is why it was considered as an objective to describe the paternity test through the technique of complementary DNA sequencing in blood and oral swab of patients treated in the laboratory Corporación Genes Lima Peru during 2024. The study is justifiable since it is necessary to contribute to the art of the paternity test technique in our country. The methodology evidences that the scientific research was of applied type and according to its scope of descriptive type being a documentary research because the data was collected from the laboratory records. The population - sample was constituted by 208 records of the molecular paternity test attended during January to june the year 2024. The sample design was non-experimental because all the data that occurred in the months said of year were used. A data collection form was used as a research instrument and the data were analyzed using descriptive statistics. Finally, the results show that the test is efficient.

Kouniaki et a., (2024) dicen que, en las investigaciones de paternidad contemporáneas, los microsatélites se han convertido en los marcadores de elección debido a su naturaleza altamente polimórfica, herencia codominante y amplia distribución en todo el genoma eucromamático. Los microsatélites, o repeticiones autosómicas cortas en tándem (aSTR), consisten en repeticiones en tándem de secuencias cortas de nucleótidos (unidades repetidas de 1 a 6 pb) que forman series con longitudes de hasta 100 nucleótidos. La segregación mendeliana de los marcadores aSTR en familias los hace ideales para sistemas de identificación personal en aplicaciones médicas y forenses, donde son admisibles como prueba en procedimientos legales. El análisis aSTR ha demostrado ser una de las herramientas moleculares más fiables y rentables en el trabajo de casos forenses. Sin embargo, los aSTR pueden sufrir variaciones evidentes en el número de copias mediante un proceso conocido como mutación dinámica o mutable, lo que resulta en incompatibilidad entre padres e hijos.

Hu et al., (2024) En los últimos años, con el progreso continuo de la tecnología de extracción y detección de ADN, el ADN libre de células (ADNcf) se ha utilizado ampliamente en el campo de las ciencias biológicas, y su valor de aplicación potencial en la identificación forense es cada vez más obvio. Este artículo revisa el concepto, el mecanismo de formación y la clasificación del cfDNA, etc., y describe los últimos avances de la investigación del cfDNA en la identificación personal de muestras de ADN táctiles en la escena del crimen y las pruebas de paternidad prenatal no invasivas.

Liu et al., (2024) El análisis de parentesco es un aspecto crucial de la genética forense. Este estudio analizó 1.222 publicaciones sobre análisis de parentesco desde 1960 hasta 2023 utilizando técnicas de análisis bibliométrico, investigando los patrones anuales de publicación y citación, los países, organizaciones, autores y revistas más productivos, La investigación actual se centra en microhaplotipos, genealogía genética forense y secuenciación masiva paralela. El campo avanzó con nuevos métodos, herramientas y marcadores genéticos de análisis de ADN. Desde una perspectiva general, la investigación en el campo del análisis de parentesco ha ido

ganando atención gradualmente, con un número cada vez mayor de artículos publicados a lo largo de los años. En términos de países, esta investigación relevante está impulsada principalmente por naciones desarrolladas y en desarrollo como China, Estados Unidos y Alemania. De cara al futuro, existe el deseo de mejorar los intercambios internacionales e involucrar a más países en la investigación del análisis de parentesco. Al mismo tiempo, la investigación en el campo del análisis de parentesco se concentra en la identificación de nuevos marcadores genéticos y el desarrollo de técnicas analíticas avanzadas. Sin embargo, todavía existen numerosos desafíos en este ámbito.

Thelingwani et al., (2024) dicen que analizaron los datos de paternidad recopilados durante un período de diez años en un laboratorio de pruebas de ADN de Zimbabwe. Se analizaron los tipos de casos de paternidad, la prevalencia, los datos de exclusión, las tasas de mutaciones y las irregularidades observadas en el genotipado. Informamos los resultados del análisis de 1303 casos. La extracción de ADN y la tipificación de STR se realizaron utilizando kits comerciales estándar. La paternidad fue la prueba más solicitada (87,37%) seguida de las pruebas de parentesco biológico indirecto (7,01%). La paternidad dúo (sin madre) fue la prueba de paternidad más común tanto para casos ordinarios como judiciales. Observamos 367 exclusiones de paternidad en 1135 casos, lo que da una tasa general de exclusión de paternidad del 32,33%. La maternidad tuvo la tasa de exclusión más baja (8,33%), y los casos penales tuvieron las tasas de exclusión más altas de paternidad (61,11%) y maternidad (33,33%). El número de loci STR no coincidentes osciló entre 2 y 12 para los casos de dúo y entre 4 y 18 para los casos de trío. La paternidad se llamó siguiendo las pautas publicadas 35. Se genotiparon al menos 15 loci. La paternidad se calculó en cada locus STR como un índice de probabilidad. Esto se generó comparando la probabilidad de que el presunto padre contribuyera con el alelo obligado con la probabilidad de que el hombre elegido al azar contribuyera con el alelo. El índice de paternidad combinado (IPC) se calculó multiplicando los valores de IP en cada locus. La probabilidad de paternidad (PP) se calculó mediante la fórmula PP = IPC/(IPC+1). Se excluyeron los casos que mostraban 4 o más loci excluyentes y un IPC inferior a 10.000. Se utilizó el cálculo del PI en presencia de mutaciones aisladas con una tasa de mutación

correspondiente y un poder de exclusión según lo recomendado por la Asociación Estadounidense de Bancos de Sangre. Se consideró el modelo por pasos cuando ocurrieron más de dos pasos de mutación. Se utilizaron parientes como tía, tío, abuelos o hermanos para determinar el parentesco biológico en los casos en que el presunto padre estaba desaparecido.

Ma et al., (2024) La disomía uniparental (UPD) es un tipo raro de aberración cromosómica que puede dificultar el análisis del parentesco durante la identificación forense. Aquí, investigamos estos hallazgos genéticos para evitar falsas exclusiones durante las pruebas de paternidad. En tres casos se amplificaron treinta y nueve repeticiones en tándem cortas (STR) autosómicas marcadas con fluorescencia para detectar relaciones entre padres e hijos. También se emplearon veintitrés STR del cromosoma Y marcados con fluorescencia. Estos fueron sometidos a electroforesis capilar. El índice de filiación se calculó mediante el modelo bipartito o tripartito. Se realizaron micromatrices de polimorfismo de un solo nucleótido (SNP) para investigar más a fondo los mecanismos genéticos. Las conclusiones respaldaron la relación biológica madre-hijo en tres casos. Sin embargo, en todos los casos, el presunto padre y el niño tenían tres marcadores STR autosómicos, restringidos a un solo cromosoma, que no se ajustaban a las reglas de herencia mendelianas. El genotipado de 23 STR del cromosoma Y no reveló ninguna violación de la ley mendeliana. La combinación de perfiles STR y microarrays SNP sugirió que dos niños tenían UPD materna del cromosoma 7, mientras que uno tenía UPD del cromosoma 2. Después de excluir los tres loci incompatibles, las conclusiones respaldaron la relación biológica padre-hijo en todos los casos. Se obtuvieron los mismos resultados cuando se utilizaron pruebas de paternidad de tríos. La disomía uniparental puede complicar el juicio de parentesco en las pruebas de paternidad. Se debe considerar la posibilidad de UPD cuando se encuentran loci STR incompatibles en el mismo cromosoma. La evidencia genética obtenida mediante técnicas moleculares adicionales puede proporcionar una mejor interpretación del parentesco en presencia de UPD y evitar falsas exclusiones de relaciones biológicas.

Li et al., (2023) La presentación de un padre no biológico junto con un probando para el diagnóstico genético causaría una atribución errónea de paternidad (MP), lo que posiblemente conduciría a una interpretación errónea de la patogenicidad de las variantes genómicas. Por lo tanto, se justifica una prueba de paternidad/maternidad rápida y rentable antes de las pruebas genéticas. Aunque la secuenciación del genoma de paso bajo (GS) se ha utilizado ampliamente para el diagnóstico clínico de variantes estructurales de la línea germinal, está limitada en las pruebas de paternidad/maternidad debido a la cobertura de lectura inadecuada para el genotipado. Las pruebas genéticas prenatales mediante GS de paso bajo se han realizado ampliamente para la detección de variantes estructurales de la línea germinal; sin embargo, su genotipado es limitado debido a una cobertura insuficiente, lo que dificulta las pruebas de paternidad/maternidad. A diferencia de las tecnologías basadas en repeticiones cortas en tándem y polimorfismo de un solo nucleótido, cuya precisión depende en gran medida de la selección y amplificación de marcadores genéticos específicos, realizamos el análisis en modo de todo el genoma basado en trío o dúo. Además, para minimizar el efecto de la detección de falsos positivos o falsos negativos de variantes de un solo nucleótido, establecimos una línea de base de tasas inconsistentes de herencia paterna/materna mediante el uso de 10 tríos con relaciones biológicas confirmadas e investigamos el espectro de tasas inconsistentes de herencia paterna/materna con familias sin paternidad/maternidad asignando aleatoriamente a los padres a los probandos. El sólido rendimiento se confirmó aún más mediante el uso de 170 tríos secuenciados con diferentes construcciones de biblioteca y plataformas de secuenciación. Para evaluar el efecto contribuido por los errores sistemáticos (como la alineación), identificamos 593 loci recurrentes mediante un análisis basado en tríos entre todos los tríos analizados. Sólo hubo ~1% de los loci disponibles en general por prueba. En conjunto, nuestros resultados no solo reflejaron que GS proporcionó una cobertura distribuida aleatoriamente entre el genoma, sino que también demostraron que el efecto contribuido por los errores sistemáticos fue mínimo. No obstante, establecimos una base de datos para incluir estos loci recurrentes y, para aplicaciones posteriores, se filtrarían los loci seleccionados en este conjunto de datos.

Devouche y Apter (2023) dicen, el nacimiento, el momento en el que el padre descubre físicamente a su bebé, es fundamental en el desarrollo de la paternidad. Acompañar este encuentro durante la estancia en la unidad posnatal conduce a un mayor compromiso de cuidado por parte del padre durante los siguientes tres meses. Por tanto, parece fundamental apoyarle en estos primeros momentos, ofreciéndole un contacto piel con piel, por ejemplo, o mostrándole de forma práctica cómo cuidar a su recién nacido. Fomentar el desarrollo de la relación padre-bebé es beneficioso para la alianza familiar que se va construyendo en torno a la cuna.

Gao et al., (2023) Las pruebas de paternidad prenatales convencionales requieren una muestra de vellosidades coriónicas, una muestra de líquido amniótico o una muestra de sangre del cordón umbilical mediante amniocentesis . La amniocentesis es un tratamiento invasivo que conlleva riesgos de aborto espontáneo y defectos de las extremidades fetales, porque normalmente se realiza después de la semana 16 de embarazo. Se detectaron inicialmente secuencias Y derivadas de fetos en muestras de plasma y suero de mujeres con fetos masculinos y demostraron que el ADN fetal libre de células (cffDNA) reside en el ADN libre de células (cfDNA), lo que ha promovido en gran medida el desarrollo de células no fetales. Diagnóstico prenatal invasivo. Se informó que el ADNcff se puede detectar el día 31 del embarazo. La proporción de ADNcff que se encuentra en el plasma periférico materno (denominada fracción fetal) varía según la persona y se ve afectada por múltiples factores, como la edad de gestación y el peso. En promedio, la concentración fraccional de ADN fetal libre de células en plasma es aproximadamente del 15%, pero fluctúa desde menos del 4% hasta más del 30%. La fracción fetal es un parámetro importante que afecta la precisión de las pruebas de paternidad prenatales basadas en cfDNA.

Giannico et al., (2023) Uno de los principales desafíos de las pruebas de paternidad es la capacidad de distinguir dos posibles padres cuando están relacionados biológicamente. No es particularmente raro que dos posibles padres puedan estar relacionados y, por tanto, compartir muchas variantes de ADN. Por lo tanto, obtener resultados concluyentes para una prueba de paternidad puede ser un desafío utilizando métodos tradicionales basados en STR. Los hermanos plenos comparten el 50% de su

ADN y representan un caso típico de paternidad en disputa entre padres putativos emparentados. Para evaluar la solidez de prueba de paternidad prenatal no invasiva (NIPAT), calculamos log para 100 hermanos completos simulados de cada padre biológico. Se analizaron más de 900 muestras de meiosis y se compararon los valores log entre padres biológicos y 100 hermanos virtuales. Se calcularon valores de Log para hermanos completos simulados de los padres designados, que oscilaron entre −30 y −200 con un promedio de −108. La diferencia entre los valores de log para padres designados y hermanos completos simulados fue muy alta, y estas dos distribuciones nunca se superpusieron. Por lo tanto, esto significa que la probabilidad de incurrir en un falso positivo es aproximadamente 0, lo que significa que la prueba NIPAT es sólida con altas tasas de ADN compartido.

Zhou et al., (2022) afirman que, en genética forense, las repeticiones cortas en tándem (STR) en los autosomas son los marcadores genéticos de uso frecuente en la corriente principal en la actualidad. Las matrices de transición estocásticas de ITO son métodos tradicionales para obtener la distribución conjunta del genotipo STR y las correlaciones genotípicas entre cualquier par especificado de parientes no consanguíneos. Sin embargo, la identificación de los hermanos es complicada y las conclusiones corren el riesgo de ser inciertas en algunos casos, porque el posible parentesco íntimo entre los dos individuos involucrados en la prueba de parentesco puede limitar la cantidad de información genética que se puede utilizar para la identificación. En este estudio de caso, un hombre adulto sospechaba que podría haber sido secuestrado y traficado con su familia actual a su temprana edad. Debido a que tanto el padre sospechoso como la madre sospechosa murieron por razones físicas y no se pudieron recolectar muestras materiales, no se pudo realizar la identificación de paternidad. Entonces el hombre solicitó una identificación del parentesco tío-sobrino con su tío vivo y sospechoso. Aplicamos el algoritmo ITO utilizando STR en autosomas y cromosoma Y en la identificación de este parentesco secundario. La validez del algoritmo ITO proporcionará evidencias más confiables para la identificación del parentesco. Concluyeron que el desarrollo de la secuenciación de alto rendimiento y el establecimiento de una base de datos genómica, las pruebas de parentesco basadas en múltiples marcadores genéticos, como el polimorfismo de un

solo nucleótido (SNP) y microhaplotipos, tienen aplicaciones prácticas muy valiosas. En el futuro, aplicaremos más marcadores genéticos, como SNP e indeles, para resolver problemas complejos de pruebas de parentesco basados en secuenciación de alto rendimiento

Larmuseau (2022) Los conocimientos sobre la aparición y la naturaleza de paternidad errónea (MAP) en las poblaciones humanas son importantes en numerosas disciplinas de investigación que van desde la biología, la genética y la antropología hasta la psicología (evolutiva), la historia familiar y la sociología. Además, son esenciales en aplicaciones biomédicas como asesoramiento genético, investigación de riesgos de enfermedades familiares y genética forense (búsqueda familiar). Sin embargo, la complejidad y sensibilidad que rodean este tema limitan el avance del conocimiento científico sobre la MAP humana. Es especialmente difícil reunir una muestra amplia y representativa de una población humana debido a diversas preocupaciones logísticas y éticas. Por el contrario, es bastante fácil analizar las tasas de MAP procedentes de laboratorios de paternidad que realizan pruebas encargadas por particulares. Sin embargo, estas tasas no son representativas de la población mundial, ya que se refieren principalmente a personas que albergan una duda ya razonable; incluso han dado lugar al mito aún perdurable de una tasa general de MAP de más del 10% en las poblaciones occidentales. Las pocas muestras representativas de poblaciones contemporáneas hasta ahora para cuantificar las tasas de MAP fueron subproductos de estudios médicos. Lamentablemente, estos estudios incluyeron sólo pequeños grupos de pacientes. Recientemente, también se introdujeron enfoques genealógicos genéticos que combinan datos genéticos con árboles genealógicos en profundidad. Estos enfoques son valiosos para reconstruir patrones históricos de MAP humanos, pero no proporcionan información directa sobre las poblaciones contemporáneas.

Yudianto et al., (2021) Las pruebas de paternidad a menudo se enfrentan a la falta de disponibilidad de información del padre, la madre o el niño como comparación en el proceso de examen forense de ADN. Por lo tanto, se necesitan comparaciones con información de líneas familiares cercanas, por ejemplo, de los hermanos de la

víctima o del perpetrador si no hay comparaciones con los padres o hermanos. Este estudio fue realizado por el Grupo de Estudio de Genética Humana de la Universidad de Airlangga en su campus de enero a abril de 2020. El objetivo del estudio fue analizar el uso del análisis de parentesco en la prueba de paternidad mediante el examen STR CODIS en hermanos. Este fue un estudio observacional de laboratorio con un diseño temporal. El nivel de extracción de la muestra de ADN y los resultados de pureza se midieron con un nivel medio de muestra de ADN de 675 ± 5,35 ng/µl, mientras que los valores de pureza oscilaron entre 1,05 y 1,86. El principio de la prueba de paternidad se basa en un proceso de comparación entre los alelos de los padres con los alelos del niño. Sin embargo, si los alelos de los padres no están disponibles, los alelos de los hermanos se pueden utilizar como comparación con fines de identificación, lo que se conoce como análisis de parentesco. Estadísticamente, los hermanos completos tienen una probabilidad de precisión de 2 alelos de [0,25] 25 %, lo que equivale a no tener el mismo alelo o 0 alelo, mientras que la precisión de 1 alelo alcanzó el 50 %. Todos los loci CODIS STR tuvieron el porcentaje más alto de 2 alelos compartidos. Por lo tanto, se recomienda utilizar análisis de hermanos o de parentesco si ambos padres están ausentes.

Doniec et al., (2021) La prueba de ADN en casos de paternidad en disputa es un análisis de rutina que se lleva a cabo en laboratorios forenses. El procedimiento estándar consiste en comparar las variantes del marcador STR en el niño, la madre y el presunto padre. El desarrollo de la técnica de secuenciación masiva paralela muestra la gran utilidad del análisis SNP (polimorfismo de un solo nucleótido) para la interpretación del grado de parentesco, especialmente cuando está involucrado algún evento de aberración (como una mutación). Un supuesto básico del análisis genético en casos de paternidad en disputa es que el niño hereda la mitad de su ADN de cada uno de sus padres biológicos. La falta de alelos comunes en los loci examinados entre el niño y el presunto padre puede indicar una exclusión de paternidad del hombre examinado. Sin embargo, las mutaciones genéticas, en particular las aberraciones cromosómicas y las mutaciones genómicas, también pueden provocar una falta de compatibilidad. Concluyeron que la disomía uniparental puede representar un desafío para los análisis de rutina en los laboratorios forenses y debe tenerse en cuenta para

evitar una exclusión falsa de una relación y obtener una conclusión segura de parentesco.

De Kock y Kloppers (2021) Las investigaciones de paternidad y parentesco juegan un papel central en la determinación del parentesco biológico. Estas investigaciones se han convertido en mucho más que un interés personal en las relaciones familiares, considerando que el resultado de estas investigaciones es importante en casos médicos, judiciales y de asuntos de interior. En todo el mundo, el análisis de ADN de repeticiones cortas en tándem (STR) se utiliza para pruebas de paternidad y parentesco, así como para pruebas forenses. STR se refiere a secuencias cortas repetidas en tándem de entre 2 y 6 pares de bases de longitud. Los loci STR son altamente polimórficos y se encuentran en todo el genoma eucariota. Los loci STR son polimórficos porque el número de repeticiones en tándem en loci STR específicos varía entre individuos, lo que hace que estos loci sean óptimos para fines de identificación humana. En total, el 27% (n=1673/6182) de los padres putativos evaluados fueron excluidos de la paternidad. En Sudáfrica se utilizan a menudo pruebas de paternidad, especialmente en casos en los que se requiere una identificación positiva de las personas en los departamentos médico, judicial y de asuntos internos. En nuestra configuración, las partes involucradas en las pruebas son responsables del costo, de ahí el aumento de la demanda de pruebas sin madre. El resultado de este estudio no respalda las pruebas de paternidad sin madre, ya que pueden ocurrir casos de inclusión falsa si no se realiza la prueba a la madre. El uso de kits de perfiles STR con más loci STR puede potencialmente resolver el problema de los loci coincidentes entre individuos; sin embargo, se deberán evaluar datos comparables de estos kits para determinar si el problema de la inclusión falsa se puede resolver completamente dentro de nuestra población.

Millogo et al., (2021) La determinación biológica de las filiaciones es un viejo problema. El análisis se basa en los polimorfismos genéticos de los individuos y su transmisión mendeliana. Refiriéndose a técnicas basadas en la determinación del grupo sanguíneo, algunos autores demostraron que en los casos de afiliación, se obtiene una probabilidad de exclusión combinada para los no padres del 99,995% mediante el

examen de sistemas de grupos sanguíneos bien establecidos. Los problemas en el uso de estos métodos para incluir la paternidad de los "presuntos padres" están relacionados con la transmisión aleatoria de alelos en la población general. Sin embargo, la técnica tiene limitaciones cuando existe correspondencia entre el genotipo de Hb del supuesto padre-madre y el niño. STR es un locus polimórfico presente en todos los genomas eucariotas. Por lo general, consistían en matrices en tándem de secuencias cortas repetidas de 2 a 6 pares de bases, y el polimorfismo se produce cuando el número de copias de la secuencia repetida presente en un locus STR determinado varía entre los cromosomas individuales. Se han estudiado cientos de microsatélites y algunos se utilizan como marcadores para la determinación de huellas genéticas para discriminar o vincular genéticamente a individuos (familias, inmigrantes, etc.). Presentan una amplia diversidad y pueden utilizarse en la identificación de casos de pruebas de paternidad. Concluyeron que debido a las limitaciones de estas pruebas convencionales, el análisis STR se ha convertido en la técnica de referencia no sólo para las pruebas de paternidad sino también para el análisis forense.

Aguiar et al., (2021) su estudio tuvo como objetivo evaluar el riesgo de posibles inclusiones de paternidad falsa en casos sin madre. Diseño de investigación: Se generaron más de 20.000 dúos eliminando los genotipos maternos de los tríos de exclusión. Después de volver a calcular la paternidad en estos dúos, cualquier inclusión encontrada sería falsa. Resultados: El uso de un número apropiado de loci, modelo de mutación y tasas de mutación para analizar los casos de paternidad sin madre fue sólido contra las inclusiones falsas. Se observó una única inclusión potencialmente falsa en un caso en el que el parentesco desempeña un papel. Este resultado resalta la importancia de realizar pruebas a la madre cuando esté disponible y de obtener información sobre las circunstancias familiares para el manejo adecuado de los casos que involucran a personas relacionadas. Conclusión: Las directrices que utilizamos aquí fueron suficientes para evitar inclusiones falsas en un conjunto de datos de más de 20.000 casos de huérfanos de madre.

Long (2021) Actualmente, las repeticiones cortas en tándem (STR) son los marcadores genéticos más utilizados en el análisis de paternidad. Los laboratorios forenses utilizan varios sistemas de detección de PCR de fluorescencia cuantitativa (QF-PCR) basados en tecnología de análisis STR. Al utilizar la tecnología STR, las agencias de detección suelen utilizar un reactivo de detección con un rango de detección de al menos 13 loci STR del sistema de índice de ADN combinado (CODIS) para comparar datos entre individuos. Se analizaron un total de 180 muestras, incluidas 100 muestras no relacionadas, 74 muestras de 30 familias y seis muestras de tres familias. Los datos se analizaron, se agruparon según el cromosoma de SNP y se contó la tasa de discrepancia. La tasa total de discrepancia de SNP en individuos no relacionados fue de 8 a 10 veces mayor que la de los individuos entre padres e hijos. Los individuos con una tasa de desajuste total de más del 5,3% se definieron como individuos sin parentesco, y los individuos con una tasa de desajuste total de menos del 0,6% se definieron como individuos con una relación entre padres e hijos. Conclusión: La tecnología de detección de chips genéticos de alta densidad puede completar el análisis de los marcadores SNP, y el uso de una gran cantidad de marcadores genéticos SNP puede juzgar la homología de los cromosomas entre los individuos que se van a analizar, lo que aumenta los resultados de la prueba STR para analizar de manera integral la relación genética entre individuos. Debido a que los kits Human Cyto SNP-12 BeadChip se usan ampliamente en el análisis genético de laboratorio, su método de detección es maduro y su estabilidad es buena.

Ou y Qu (2020) basados en la tecnología de secuenciación masiva paralela (MPS), los microhaps han demostrado su aplicabilidad en ciencia forense para diferentes propósitos de aplicación. Aquí evaluamos la viabilidad de las pruebas de paternidad prenatal no invasivas (NIPPT) con un panel de marcadores de microhap polimórficos, utilizando ADN libre de células (cfDNA) en la circulación materna. En nuestro estudio anterior se desarrolló un ensayo personalizado basado en MPS dirigido a 60 microhaps. En este documento, aplicamos el ensayo desarrollado a muestras de cfDNA en 15 casos de NIPPT en el primer trimestre del embarazo (6-13 semanas). Se empleó el paquete R relMix para la interpretación de datos, con un modelo de estimación de abandono de regresión. Como resultado, la secuenciación dirigida en la

que el enriquecimiento objetivo se realiza mediante captura por hibridación se puede emplear eficazmente para la secuenciación de microhap con muestras de ADNcf. Con el uso combinado de relMix se determinó correctamente la paternidad de los padres biológicos en 15 casos, con un valor del índice de paternidad combinado (IPC) > 1012. Además, la especificidad de este enfoque fue validada por la exclusión exitosa de la paternidad de tres parientes cercanos (padre, hermano y tío) del padre biológico en un caso, y además por la separación significativa en la distribución del IPC entre el padre biológico y 112 no emparentados. machos en cada caso. Nuestros resultados indican que esta estrategia de secuenciación de microhap basada en MPS podría utilizarse en NIPPT. Este método puede contribuir a la evolución del NIPPT y a la resolución de cuestiones relacionadas con las mezclas de ADN de parientes cercanos para fines específicos.

Margulis y Danielli (2019) Los genomas de casi todos los seres vivos, formados a lo largo de miles de millones de años de evolución, han acumulado cantidades sustanciales de secuencias repetitivas de ácidos nucleicos. Estas secuencias pueden aparecer en todo el genoma en un número excepcionalmente alto de copias, que van desde cientos hasta decenas de miles de repeticiones. Se dividen en grupos, principalmente según su tamaño, ubicación, número de copias y movilidad. Algunos de ellos (p. ej., genes ribosómicos) son genes completamente funcionales, altamente conservados y tienen un propósito específico. Otros no tienen una función específica y pueden ser móviles o estar dispersos por todo el genoma (p. ej., elementos transponibles) o estar distribuidos en bloques en una o más ubicaciones definidas de los cromosomas (p. ej., repeticiones en tándem). Algunos elementos estructurales de los cromosomas, como los centrómeros y los telómeros, también están compuestos por elementos cortos repetitivos. Hasta la fecha, partes importantes de los genomas que contienen largos tramos de motivos repetitivos siguen estando mal mapeadas. Estas áreas frecuentemente se consideran ADN “basura” y están marcadas como “indefinidas” o completamente omitidas en el mapa del genoma. Sin embargo, la aparente falta de función no significa necesariamente que ese ADN basura sea completamente inútil. Por ejemplo, la ciencia forense moderna se basa en gran medida

en la detección de polimorfismos de repeticiones cortas en tándem para las “huellas dactilares” de ADN y las pruebas de paternidad.

Guzmán et al (2019) durante la resolución constante de los casos de paternidad surgen situaciones atípicas, que constituyen desafíos que requieren sistemas genéticos adicionales y métodos no estándar. Presentamos un caso de paternidad que presenta tres supuestas incompatibilidades padre (AF)-hijo para los marcadores TPOX, D2S441 y el locus indel B02. Considerando la presencia de mutaciones/alelos nulos, los índices de paternidad residual (PI) obtenidos con 23 repeticiones cortas en tándem (STR) autosómicas y 38 indeles sugieren que el FA es el padre. Aunque la presencia de pocas incompatibilidades también podría implicar la paternidad del hermano AF, esta hipótesis fue menos probable. La inclusión de 23 loci Y-STR confirmó la relación de paternidad en este caso. Sin embargo, las incompatibilidades de los dos STR de múltiples pasos y un indel permiten descartar la posibilidad de mutación. Por otro lado, la confirmación de los genotipos STR homocigotos con dos kits de identificación humana diferentes y la baja probabilidad de encontrar tres alelos nulos permiten rechazar la hipótesis de presencia de alelos nulos. Por el contrario, el genotipo homocigoto del niño para los alelos maternos en cuatro marcadores ubicados en los brazos p y q del cromosoma 2 (TPOX, D2S441, D2S1338 y B02) sugiere que la isodisomía uniparental materna explica mejor la relación a pesar de la presencia de tres incompatibilidades paternas. En resumen, cuando se observan múltiples incompatibilidades en las pruebas de paternidad, la ubicación cromosómica de los loci excluyentes y el uso de sistemas genéticos adicionales pueden ser cruciales para obtener conclusiones confiables sobre el parentesco.

Shapiro (2019) En última instancia, creo que es un derecho humano fundamental conocer nuestra identidad: saber de dónde y quién venimos y, en su defecto, saber que nos falta información. Ciertamente, hay muchos adoptados y personas concebidas por donación que no logran encontrar información sobre sus orígenes biológicos. Pero lo esencial es que sepan que falta una pieza. No ofrecen con seguridad un historial médico incorrecto de ellos y de sus hijos, como hice yo toda mi vida. No se preguntan por qué a veces están invadidos por una sensación de anhelo y alteridad, conocida en la

literatura sobre adopción como "desconcierto genealógico". Debido a que saben lo que no saben, en cierto modo son capaces de reclamar su identidad y absorber las piezas que faltan.

Barrot et al., (2014) Es técnicamente factible realizar pruebas de diagnóstico de paternidad únicamente entre el presunto padre y su descendiente. Sin embargo, existen serios problemas legales y éticos para los laboratorios de genética forense cuando se trata de casos de pruebas de paternidad para investigar la supuesta relación padre-hijo si la madre biológica no ha dado su consentimiento para acceder a su información genética. Este problema es mayor cuando el niño es menor de edad, incapacitado psíquica o psicológicamente, porque la legislación española actual exige el consentimiento informado de los representantes legales, pero la ley no tipifica lo que ocurre cuando uno de los progenitores da su consentimiento (el padre putativo) y el otro progenitor (la madre) no está de acuerdo.

Justificación de la investigación: La investigación tiene justificación práctica dado que es necesario conocer la realidad de la prueba de paternidad mediante secuenciación del ADN complementario en sangre e hisopado bucal de pacientes atendidos en el laboratorio de Corporación Genes Lima Perú 2024. También se justifica de manera social, porque el conocimiento científico será en beneficio para la sociedad en general, mediante las planificaciones de los servicios de promoción de salud y la jurisprudencia (derecho). Finalmente, la presente investigación se justifica de manera metodológica, dado que el nuevo conocimiento obtenido podría contribuir en la socialización de la técnica de paternidad.

Problema: No conocer a los padres genéticos y, en consecuencia, no conocer la historia genética, a menudo se considera un daño significativo, que puede impactar negativamente en el sentido de identidad y autoestima de un individuo y puede hacer que se sienta desconectado y solo, aunque si este desconcierto genealógico conduce a problemas tangibles de salud mental, como algunos sugieren, está abierto a cuestionamientos. Sugerimos que el significado de "padre" tiene tres componentes que pueden encontrarse en la persona de un padre o extenderse entre diferentes hombres. Estos son "padre causal", "padre material" y "padre moral". "Padre causal"

se refiere al hombre responsable de dar vida a un niño, siendo una de esas rutas causales la provisión de esperma en la reproducción natural. 'Padre material' se refiere a un hombre que proporciona materialmente a un niño. Por otro lado, "padre moral" se refiere a un hombre que forma una relación paternal amorosa con un niño. La distinción entre paternidad moral y material se puede entender mejor considerando a un padre ausente que paga manutención, pero no tiene una relación social parental con el niño (Draper e Ives 2009). Dado los antecedentes y el planteamiento anterior consideramos muy importante plantear el siguiente problema científico: ¿Cuál es la realidad de la prueba de paternidad mediante la técnica de secuenciación del ADN complementario en sangre e hisopado bucal de pacientes atendidos en el laboratorio Corporación Genes Lima Perú 2024?

Conceptualización y operacionalización de variables. Definición conceptual de variable prueba de paternidad. Se define como el número de repeticiones que presentan el presunto padre, la madre y el hijo/a para cada uno de los STR analizados (Lagos et al., 2011). Definición operacional de la variable prueba de paternidad. Los resultados de las pruebas de paternidad se obtendrán de los registros del laboratorio.

Hipótesis: Dado que se trata de una investigación descriptiva no necesita la explicación de la hipótesis, según Hernández y Mendoza (2018).

Objetivos. Objetivo general: Analizar la prueba de paternidad realizada mediante la técnica de secuenciación del ADN complementario en sangre e hisopado bucal de pacientes atendidos en el laboratorio Corporación Genes Lima Perú 2024. Objetivos específicos: Describir las frecuencias de los diferentes tipos de muestras analizadas mediante prueba molecular en el área del laboratorio Corporación Genes de Lima de enero a junio del 2024. Describir las frecuencias de los diferentes tipos de relaciones familiares analizadas mediante prueba molecular en el área del laboratorio Corporación Genes de Lima durante enero a junio del 2024. Describir el protocolo de la prueba de paternidad realizada mediante secuenciación del ADN complementario en sangre e hisopado bucal de pacientes.

Según su finalidad la investigación fue de tipo aplicada y según su alcance descriptiva. El diseño de investigación no fue experimental porque no se modificó la variable test de paternidad, según Hernández y Mendoza (2018).

Esquema: M ⟶ O

Donde: M: Sangre e hisopado bucal y O: Prueba de paternidad (técnica de ADN)

Población: La población estuvo constituida por todos los resultados de paternidad de laboratorio de la Corporación Genes de la ciudad de Lima.

Muestra: La muestra estuvo constituida por todos (208) los registros de paternidad del laboratorio de la Corporación Genes de la ciudad de Lima, durante enero a junio del 2024, según Hernández y Mendoza (2018).

La técnica de investigación que se utilizó fue documental porque se recopilaron los registros del laboratorio Corporación Genes de la ciudad de Lima, durante enero a junio del 2024. El instrumento de investigación fue una ficha de recolección de datos (ver anexo 3).

La data, fue analizada mediante la estadística básica utilizando el programa Excel.

RESULTADOS

Tabla 1

Descripción de las frecuencias de los diferentes tipos de muestras analizadas mediante prueba molecular en el área del laboratorio Corporación Genes de Lima durante enero a junio del 2024.

Tipo de muestra	Prueba de paternidad				Total	
	Negativo		Positivo			
	n	%	n	%	n	%
Hisopado bucal	32	15.40%	73	35.10%	105	50.50%
Hisopado bucal / Sangre	27	13.00%	56	26.90%	83	39.90%
Sangre	6	2.90%	12	5.80%	18	8.70%
Tipaje	1	0.50%	1	0.50%	2	1.00%
Total	66	31.70%	142	68.30%	208	100.00%

Nota: Datos tomados del laboratorio Corporación Genes de Lima.

En primer lugar, se observa que el tipo de muestra Hisopado bucal representa la mayor proporción de muestras analizadas, con un total de 105 pruebas, lo que equivale al 50.50% del total de la muestra estudiada. De estas, 73 resultados fueron positivos, constituyendo el 35.10% del total, mientras que 32 resultaron negativos, representando el 15.40%.

Por otro lado, el tipo de muestra Hisopado bucal y Sangre comprende 83 muestras, representando el 39.90% del total. Dentro de este grupo, 56 resultados fueron positivos (26.90%) y 27 negativos (13.00%). En menor medida, la categoría Sangre incluyó 18 pruebas, equivalente al 8.70% del total de la muestra; de estas, 12 resultaron positivas (5.80%) y 6 negativas (2.90%).

Finalmente, muestra Tipaje abarcó únicamente 2 pruebas, representando el 1.00% del total. Ambas muestras, una positiva y una negativa, constituyen el 0.50% cada una. La escasa frecuencia de esta categoría sugiere que el tipaje, aunque es una muestra válida, es infrecuente en comparación con las otras muestras empleadas en este estudio.

Tabla 2

Descripción de las frecuencias de los diferentes tipos de relaciones familiares analizadas mediante prueba molecular en el área del laboratorio Corporación Genes de Lima durante enero a junio del 2024.

Parentesco	Prueba de paternidad				Total	
	Negativo		Positivo			
	n	%	n	%	n	%
H1-H2	0	0.00%	1	0.50%	1	0.50%
Hermandad	2	1.00%	0	0.00%	2	1.00%
MH	0	0.00%	1	0.50%	1	0.50%
PH	62	29.80%	137	65.90%	199	95.70%
PHM	2	1.00%	2	1.00%	4	1.90%
Tio-sobrino	0	0.00%	1	0.50%	1	0.50%
Total	66	31.70%	142	68.30%	208	100.00%

Nota: Datos tomados del laboratorio Corporación Genes de Lima.

En primer lugar, la categoría PH (Padre-Hijo) constituye la mayor proporción de las pruebas realizadas, con un total de 199 casos, lo que representa el 95.70% del total de la muestra. De estas pruebas, 137 resultaron positivas (65.90%), mientras que 62 fueron negativas (29.80%).

Por otro lado, las categorías hermanos (H), H1-H2 y madre hijo (MH) presentan una baja representación en la muestra. Específicamente, la categoría H1-H2 incluyó únicamente 1 prueba (0.50%), de la cual el resultado fue positivo. De manera similar, la categoría MH también registró 1 prueba positiva (0.50%) y ninguna negativa. En el caso de la categoría Hermandad comprendió 2 pruebas (1.00%), todas las cuales resultaron negativas.

En la categoría padre – hijo – madre (PHM), se registraron 4 pruebas (1.90%), con resultados distribuidos equitativamente entre positivos y negativos (2 cada una, 1.00% respectivamente). Finalmente, la categoría Tio-sobrino incluyó 1 prueba (0.50%), con un resultado positivo.

Descripción de la técnica de secuenciación del ADN complementario en sangre e hisopado de pacientes atendidos el área del laboratorio Corporación Genes de Lima.

AREA: Recepción y toma de muestras para análisis de relación biológica

Referencias

Guía de Procedimientos Pre analíticos: Toma de Muestra de Sangre Total, Bulbo Piloso e Hisopado Bucal. INSN.

Guía de procedimientos para la toma de muestras de sangre e hisopado bucal en tarjeta FTA para la prueba de ADN

Responsabilidades

Analista: Cumplir y adecuarse con lo establecido con el presente procedimiento. Informar al jefe inmediato cualquier error, desviación u oportunidad de mejora.

Definiciones

Tarjeta FTA: del inglés (Flinders Technology Associates) son tarjetas de un papel de celulosa a base de algodón que contienen sustancias químicas que queman las células, desnaturalizan las proteínas y protegen el ADN

Descripción de actividades

Indicaciones previas a la toma de muestras. Para la toma de muestras de origen biológico se debe de tener en cuenta lo siguiente:

- Contar con implementos de bioseguridad apropiados como lo son el equipo de protección personal (mandil, gorro, zapato, mascarilla) en lo posible que sean de material descartable.
- Prohibido ingerir alimentos, beber o fumar durante el proceso de recolección.
- Evitar hablar o estornudar sobre las muestras.
- Para casos judiciales – legales, la toma de muestra debe de realizarse en presencia de un fiscal o juez para asegurar la toma de muestra, sellado de sobres y posterior cadena de custodia de la muestra (no existe data de casos judiciales para la tesis)

Envío de Kits para toma de muestras**.**

Mediante coordinación previa, se envían los kits de toma de muestra hacia los laboratorios clientes y a los tomadores del laboratorio.

El contenido de los kits va a depender del tipo de muestra a colectar.

Toma de muestra por hisopado bucal

Para hisopado bucal, se envían 04 hisopos por paciente. Luego de la toma de muestra se regresan a su sobre original, se almacenan y transportan en el mismo. No es necesario su refrigeración. Este sobre debe mantenerse en un lugar seco y fresco protegido del sol para que no sufra deterioro. Los hisopos son proporcionados por Corporación Genes.

1. *Previo a la realización de la toma de muestra indicar al paciente realizar un enjuague bucal con agua y no comer beber o fumar por lo menos una hora antes. En caso de bebés, que la toma de muestra no sea en horario de lactancia.*
2. *El tomador debe de contar con los EPPS completos (gorra, mandil, guantes y cubre boca).*
3. *Rellenar cada sobre con la información del o los implicados diferenciando por color.*
4. *No tocar con los dedos la punta del hisopo para no contaminarlo a la hora de retirarlo del sobre.*
5. *Realizar 20 movimientos circulares en cada lado de la pared interna de las mejillas, ejerciendo un poco de presión.*
6. *Evitar el área de las encías para no colectar saliva en exceso.*
7. *Poner los hisopos a secar evitando tocar la punta del hisopo con alguna superficie.*
8. *Regresar los hisopos a su sobre original y añadirle el formato de los datos de la persona implicada.*
9. *No cerrar el sobre usando saliva. Utilice una engrapadora o cinta.*
10. *Depositar todas las muestras dentro del sobre de Laboratorio y enviarlo al laboratorio para su análisis.*

Toma de muestra por tarjeta FTA.

Para muestras de sangre por FTA: Se envía 01 fragmento de tarjeta FTA y 01 Lanceta safe por cada paciente. Luego de la toma de muestra se regresan a su sobre original y se almacenan y transportan en el mismo. No es necesario su refrigeración. Este sobre debe mantenerse en un lugar seco y fresco protegido del sol para que no sufra deterioro. Son proporcionado por Corporación Genes.

1. *El tomador debe de contar con los EPPS completos (gorra, mandil, guantes y cubre boca).*
2. *El tomador procederá a realizar la desinfección del dedo de la mano para extraer la muestra. Esto se realiza con ayuda de un algodón embebido con alcohol.*
3. *Con ayuda de una lanceta estéril se hace una punción en el dedo elegido.*
4. *La muestra de sangre se recolecta en un fragmento de la tarjeta FTA provista por el Laboratorio en cada sobre.*
5. *Dicha muestra deberá de manchar al menos el 50% de la tarjeta FTA.*
6. *Se dejará secar completamente y luego debe ser enviada al laboratorio para su análisis en el sobre correspondiente.*

En el caso de muestras de sangre líquida, se recomienda que se use un tubo lila conteniendo EDTA como anticoagulante. Se requiere que el volumen de sangre cumpla con el mínimo recomendado por el fabricante

Los kits de paternidad cuentan con un código único de cuatro dígitos, y estos cuentan con sobres para la toma de muestra del supuesto padre y del hijo o hija. En casos Judiciales se toma en cuenta adicionar la muestra de la madre. La calidad de la toma de muestra en los centros es responsabilidad única y exclusiva del operador y el centro de donde provienen, así como la cadena de custodia en su transporte hasta su llegada al laboratorio de análisis.

1. **Identificación de las muestras.**
   Las muestras colectadas deben ser identificadas antes de realizarse la toma, colocando los siguientes datos en sobre o contenedor:

   - Nombre completo de cada implicado, seudónimo o código para casos anónimos. Llenar el formato de datos del paciente para examen de paternidad, además deberá llenar la salvaguarda de responsabilidad por derecho de investigar la propia filiación.
   - Huella digital de los implicados (obligatorio para casos judiciales)
   - Orden judicial indicando corte, referencia y demás (solo para casos judiciales)
   - Cada sobre personal posee un color el cual está impreso con un código único.
   - Color rosa (contendrá muestras de la madre)
   - Color amarillo (contendrá muestras del hijo (a))
   - Color azul (contendrá muestras del supuesto padre)

   Finalmente, estos pequeños sobres debidamente identificados deberán ser introducidos a un sobre de material más resistente el cual será usado para su transporte. Este sobre cuenta con la misma codificación que los sobres de muestras y en adelante será usado como código único para su seguimiento y reporte de resultados por parte del laboratorio.

2. **Transporte de muestras**
   Cada sobre conteniendo la muestra debe de enviarse al laboratorio en la brevedad posible para su análisis, teniendo en cuenta los cuidados para el transporte de material biológico hasta llegar al laboratorio para que sean recepcionadas.

3. **Recepción de muestras**.
   Una vez llegada las muestras se revisan los datos para corroborar el laboratorio de origen, envío correcto de hisopos, tarjetas FTA, y de la información de cada uno de los implicados. Estas son ingresadas a una base de datos al drive de paternidad.

4. **Rechazo de muestras.**

   Las muestras serán rechazadas bajo las siguientes condiciones:

   - Hisopos, en mal estado de conservación, con presencia de hongos o restos de papel del sobre, producto del mal secado previo a su envío.
   - Sobres abiertos, sin rotular que no permitan diferenciara a que implicado pertenece. - Ficha de datos no llenada.
   - Muy poca cantidad de sangre en FTA que no permita su análisis, o muy poca sangre en tubo que reaccione con el anticoagulante.

5. **Almacenamiento.**
   Las muestras de hisopados y de tarjetas FTA son almacenadas en su empaque original hasta su procesamiento. No requieren refrigeración. Si las muestras de sangre llegan en forma líquida son transferidas a tarjetas FTA y secadas y almacenadas dentro sus respectivos sobres hasta su procesamiento.

6. **Ingreso de datos al Drive de Paternidad.**

Una vez conforme la recepción de las muestras, se enumera los sobres con el orden de llegada de acuerdo al Drive de paternidad el cual sigue una secuencia correlativa, se escribe además el lugar de origen y la fecha de recepción.

En el Drive se completará la siguiente información antes del ingreso de la muestra al procesamiento:

a) Código interno asignado correlativamente.
b) Código del sobre el cual es un código único.
c) Nombre del ensayo, el cual es el código del sobre sumado al nombre del presento padre.
d) Nombre del presunto padre o el seudonimo
e) Tipo de muestra, esta puede ser de Hisopado bucal (HB) o sangre.
f) Tipo de caso el cual es la relación biológica que el cliente desea averiguar, por ejemplo: Padre-hijo (PH), Padre, Madre e hijo (PMH), hermandad, Tiandad, abuelidad, entre otros. Si las muestras son de valor particular, legal o judicial se adiciona la observación al lado década caso.
g) Lugar de procedencia.
h) Tipo de envío solicitado por el cliente, este puede ser online o en físico

PROCEDIMIENTO

EXTRACCIÓN DE DNA DE MUESTRAS BIOLOGICAS

4. Responsabilidades

Analista: Cumplir y adecuarse con lo establecido con el presente procedimiento. Informar al Jefe inmediato cualquier error, desviación u oportunidad de mejora.

5. DEFINICIONES

Tarjeta FTA: del inglés (Flinders Technology Associates) son tarjetas de un papel de celulosa a base de algodón que contienen sustancias químicas que queman las células, desnaturalizan las proteínas y protegen el ADN.

6. Descripción de actividades

6.1. Identificación del tipo de muestra. El origen de la muestra puede proceder de hisopado bucal, sangre periférica en tubo lila conteniendo EDTA o sangre manchada en FTA, muestras de hisopos manchados con sangre, cabello u otras fuentes descritas en los kits de extracción.

6.2 Protocolo para la extracción de DNA a partir de hisopado bucal en tubos de 1.5mL (SwabSolutionTM).

a) Empiece a calentar el bloque térmico a 70° C.
b) Agregue 1mL del reactivo Swabsolution a un microtubo de 1.5 mL
c) Coloque solo la cabeza del hisopo bucal en el microtubo y cierre la tapa fijamente. No es necesario vortexear.
d) Coloque cada microtubo en el bloque térmico a incubación de 70°C por 30 minutos.

e) El extracto del hisopo es el que se usará. Nota: Los extractos de hisopos bucales se pueden almacenar a 4°C. Las pruebas de estabilidad internas en Promega han demostrado que el ADN puede amplificarse a partir de extractos que hayan sido almacenados hasta 4 años a 4°C

6.3. Protocolo para extracción de DNA de muestras de sangre periférica en tubos (ReliaPrepTM).

a) Mescle la muestra de sangre durante al menos 10 minutos en un agitador a temperatura ambiente.
b) Dispense 20 µL de solución de proteinasa K en un tubo de microcentrífuga de 1.5 mL.
c) Agregue 200 µL de sangre al tubo con proteinasa K y mescle brevemente.
d) Agregue 200 µL de buffer de lisis (CLD) al tubo. Tapar y vortexear por al menos 10 segundos.
e) Incubar a 56 °C durante 10 minutos.
f) Mientras la sangre está incubando, tomar una columna de unión de reliaprep dentro de un tubo colector vacío.
g) Después de la incubación retirar el tubo y agregarle 250 µL de buffer de unión BBA, tapar y vortexear por al menos 10 segundos. El lisado debe tornarse de color verde oscuro.
h) Agregar el lisado a la columna de unión reliaprep, tapar y centrifugar por 1 minuto a máxima velocidad. Verificar que el lisado pase a través de la membrana si no es así entonces aumentar la velocidad o el tiempo de centrifugación hasta que todo pase.
i) Retirar el tubo de recolección que contiene el flujo y deseche el líquido como residuo peligroso.
j) Coloque la columna de unión en otro tubo de recolección nuevo y agregar 500 µL de buffer de lavado (CWD). Centrifugar por al menos 3 minutos y desechar el flujo obtenido. Realizar este lavado 3 veces en total.
k) Coloque la columna ya lavada en un tubo de microcentrífuga nuevo de 1.5 mL y agregar de 50 a 200 µL de agua libre de nucleasas para obtener eluido de DNA.
l) Desechar la columna de unión reliaprep y guardar el eluido a temperatura adecuada hasta su uso.

6.5. Extracción y Amplificación directa de DNA almacenado en tarjetas FTA e hisopos.

Esta metodología se realiza con el kit de Direct Amplification of DNA from Storage Card Punches and Swabs Using the VersaPlex™ 27PY System en el cual se usa 1.2 mm de diámetro de las tarjetas de FTA manchadas con sangre. Estas tarjetas pueden ser líticas o no líticas, para el segundo caso se usa el PunchSolution™ Kit, en el cual se puede recuperar DNA. En el caso de tarjetas líticas se puede usar directamente fragmentos de 1.2 mm ayudado con algún puncher manual o automatizado e introducirlo directamente a cada tubo de reacción de master mix de Versaplex.

Al manchar la sangre en las tarjetas FTA líticas, estas ya están realizando la extracción mientras se da el proceso de secado, por lo cual pueden ser usadas para el siguiente paso de amplificación

AMPLIFICACIÓN (Reacción en cadena de la polimerasa)

Diseño de cebadores

El marcador genético, se realizó mediante el diseño de un par de oligonucleótidos denominado cebadores, *primer* o iniciadores. Que sirve de punto de partida para replicar el ADN y se utiliza después en la PCR.

Reacción en cadena de la polimerasa (PCR)

Las cadenas de ADN se separarán y los cebadores se unen, originando el Ampliación.

Las muestras amplificadas se analizaron mediante electroforesis

ELECTROFORESIS

Mediante esta tecnica en separaron los fragmentos de ADN, ARN, moléculas o proteínas según su tamaño. Para esto, se utilizó corrientes eléctricas sobre los productos obtenidos de la PCR que mueven las moléculas, separándolas por tamaño.

INTERPRETACIÓN

La interpretación se realiza observando la relación entre las bandas (perfiles) que aparecen en el gel de agarosa con los fragmentos de ADN obtenidos y el paterno.

Para obtener los perfiles se evalúa: Los monómeros superenrollados circulares y covalentemente cerrados se movilizan rápido, apareciendo en la parte inferior del gel. Los monómeros circulares abiertos y lineales se movilizan lentamente y aparecen sobre los anteriores. Luego sobre estos aparecen los dímeros, por su mayor tamaño. El plásmido de ADN digerido completamente usualmente se muestra como una sola banda en el gel. El plásmido no digerido puede aparecer de dos formas en el carril.

Después de obtener los perfiles en una prueba de ADN para determinar la paternidad entre un supuesto padre y un hijo en disputa, existen dos resultados posibles al comparar sus perfiles:

1) Que para al menos dos marcadores no exista ninguna coincidencia entre los alelos/genotipos del supuesto padre e hijo, lo que se denomina exclusión y se descarta de inmediato la paternidad biológica.
2) Que sí coincida el padre con el hijo en al menos un alelo en todos los marcadores analizados, lo que se puede interpretar como que el supuesto padre es el padre biológico del hijo en disputa. Antes de llegar a esta conclusión se hacer una valoración bioestadística de la frecuencia en la población de los alelos que concuerdan entre el supuesto padre e hijo.

DISCUSIÓN

La tabla 1 muestra que el tipo de muestra Hisopado bucal representa la mayor proporción de muestras analizadas, con un total de 105 pruebas, lo que equivale al 50.50% del total de la muestra estudiada. De estas, 73 resultados fueron positivos, constituyendo el 35.10% del total, mientras que 32 resultaron negativos, representando el 15.40%. Además, el tipo de muestra Hisopado bucal y Sangre comprende 83 muestras, representando el 39.90% del total. Dentro de este grupo, 56 resultados fueron positivos (26.90%) y 27 negativos (13.00%). En menor medida, la categoría Sangre incluyó 18 pruebas, equivalente al 8.70% del total de la muestra; de estas, 12 resultaron positivas (5.80%) y 6 negativas (2.90%). Concordamos con Larmuseau (2022); Liu et al., (2024) y Yudianto et al., (2021) pues refieren que las pruebas de paternidad en sangre o hisopado bucal a menudo se enfrentan a la falta de disponibilidad de información del padre, la madre o el niño como comparación en el proceso de examen de ADN. Por lo tanto, se necesitan comparaciones con información de líneas familiares cercanas si no hay comparaciones con los padres o hermanos. También concordamos con De Kock y Kloppers (2021) y Doniec et al., (2021) pues ellos dicen que la prueba de ADN en casos de paternidad en disputa es un análisis de rutina en sangre o hisopado bucal. Un supuesto básico del análisis genético en casos de paternidad en disputa es que el niño hereda la mitad de su ADN de cada uno de sus padres biológicos. La falta de alelos comunes en los loci examinados entre el niño y el presunto padre puede indicar una exclusión de paternidad del hombre examinado. Concluyeron que la disomía uniparental puede representar un desafío para los análisis de rutina en los laboratorios forenses y debe tenerse en cuenta para evitar una exclusión falsa de una relación y obtener una conclusión segura de parentesco. Además, concordamos con Aguiar et al., (2021) y Millogo et al., (2021) dado que ellos indican que los problemas en el uso de estos métodos moleculares sean de sangre o de hisopado bucal para incluir la paternidad de los presuntos padres están relacionados con la transmisión aleatoria de alelos en la población general. Finalmente coincidimos con Semikhodskii et al (2023) refieren que el análisis inicial utilizando un hisopo bucal del niño y una muestra de sangre periférica del padre mostró exclusión de paternidad en 6 loci STR. Los

perfiles mixtos obtenidos para diferentes tipos de tejidos sugieren que dos líneas celulares genéticamente diferentes contribuyeron a la formación tanto del endodermo como del ectodermo del padre.

La tabla 2 muestra en primer lugar, la categoría PH (Padre-Hijo) constituye la mayor proporción de las pruebas realizadas, con un total de 199 casos, lo que representa el 95.70% del total de la muestra. De estas pruebas, 137 resultaron positivas (65.90%), mientras que 62 fueron negativas (29.80%). Por otro lado, las categorías hermanos (H), H1-H2 y madre hijo (MH) presentan una baja representación en la muestra. Específicamente, la categoría H1-H2 incluyó únicamente 1 prueba (0.50%), de la cual el resultado fue positivo. De manera similar, la categoría MH también registró 1 prueba positiva (0.50%) y ninguna negativa. En el caso de la categoría Hermandad comprendió 2 pruebas (1.00%), todas las cuales resultaron negativas. Coincidimos con Ma et al., (2024) dado que refieren que las conclusiones respaldaron la relación biológica madre-hijo. También concordamos con Thelingwani et al., (2024) pues ellos indican que la paternidad fue la prueba más solicitada (87,37%) seguida de las pruebas de parentesco biológico indirecto (7,01%). La paternidad dúo (sin madre) fue la prueba de paternidad más común tanto para casos ordinarios como judiciales. Observamos 367 exclusiones de paternidad en 1135 casos, lo que da una tasa general de exclusión de paternidad del 32,33%. La maternidad tuvo la tasa de exclusión más baja (8,33%), y los casos penales tuvieron las tasas de exclusión más altas de paternidad (61,11%) y maternidad (33,33%). Se utilizaron parientes como tía, tío, abuelos o hermanos para determinar el parentesco biológico en los casos en que el presunto padre estaba desaparecido. Además, los resultados de Gao et al., (2023) y Li et al., (2023) refieren que la presentación de un padre no biológico junto con un probando para el diagnóstico genético causaría una atribución errónea de paternidad, lo que posiblemente conduciría a una interpretación errónea de la patogenicidad de las variantes genómicas. Por lo tanto, se justifica una prueba de paternidad/maternidad rápida y rentable antes de las pruebas genéticas. Podemos agregar que coincidimos con Giannico et al., (2023) Uno de los principales desafíos de las pruebas de paternidad es la capacidad de distinguir dos posibles padres cuando están relacionados biológicamente. Los hermanos plenos comparten el 50% de su ADN y representan un caso típico de paternidad en disputa

entre padres putativos emparentados. Finalmente coincidimos con Ou y Qu (2020) porque refieren especificidad de la prueba de la paternidad por sangre o hisopado de padre, hermano y tío del padre biológico en un caso.

Respecto a la técnica de secuenciación del ADN complementario en sangre e hisopado de pacientes, concordamos con Kouniaki et a., (2024) debido a que dicen que, en las investigaciones de paternidad los microsatélites se han convertido en los marcadores de elección debido a su naturaleza altamente polimórfica, herencia codominante y amplia distribución en todo el genoma eucromamático. También se coincide con Hu et al., (2024) dado que reportan para los últimos años, el progreso continuo de la tecnología de extracción y detección de ADN, el ADN libre de células se ha utilizado ampliamente en el campo de las ciencias biológicas, y su valor de aplicación potencial en la identificación forense es cada vez más obvio. Además, concordamos con Zhou et al., (2022) pues ellos concluyeron que el desarrollo de la secuenciación de alto rendimiento y el establecimiento de una base de datos genómica, las pruebas de parentesco basadas en múltiples marcadores genéticos, como el polimorfismo de un solo nucleótido y microhaplotipos, tienen aplicaciones prácticas muy valiosas en las pruebas de paternidad. Además, concordamos con Guzmán et al (2019) y Barrot et al., (2014) porque afirman que es técnicamente factible realizar pruebas de diagnóstico de paternidad únicamente entre el presunto padre y su descendiente. Sin embargo, existen serios problemas legales y éticos para los laboratorios de genética forense cuando se trata de casos de pruebas de paternidad para investigar la supuesta relación padre-hijo si la madre biológica no ha dado su consentimiento para acceder a su información genética.

CONCLUSIONES

La muestra de hisopado bucal representa la mayor proporción de muestras analizadas, con el 50.50% y de ellas el 35.10% fueron paternidad positiva. La muestra sangre fue el 8.70% de las cuales el 5.8% fue positiva del total respectivamente.

La categoría Padre-Hijo constituye la mayor proporción de las pruebas realizadas, con el 95.70% y de estas el 65.9% fue positiva del total muestra respectivamente. Por otro lado, las categorías hermanos y madre hijo presentan una baja representación en la muestra con el 1% y 0.5% respectivamente.

La técnica molecular para el diagnóstico de paternidad consiste en la recepción y toma de muestras para análisis de relación biológica; extracción de DNA de muestras biológicas; Amplificacion: reacción en cadena de la polimerasa; electroforesis e interpretación.

RECOMENDACIONES

- Ampliar las investigaciones en otros laboratorios de salud donde realicen la prueba de paternidad para mejorar la confiabilidad de los resultados y así llegar a mejores inferencias.
- Realizar investigaciones de las diferentes técnicas moleculares para comparar los resultados y sus bondades de cada una de ellas.
- Promover mejores normas para el acceso a la información de las solicitudes de prueba de paternidad, con fines estrictamente científicas.

Referencias bibliográficas

Aguiar, V. R. C., de Castro, A. M., Pinto, L. M., Ferreira, A. C. S., Dos Santos, E. V. W., & Louro, I. D. (2021). Assessing false paternity risk in simulated motherless cases from more than 20 000 real exclusion trios. *Transfusion*, 61(3), 678–681. https://doi.org/10.1111/trf.16153

Barrot, C., Sánchez, C., Ortega, M., De Alcaraz-Fossoul, J., Carreras, C., Medallo, J., Bono, N., Royes, A., & Gené, M. (2014). DNA paternity tests in Spain without the mother's consent: the legal responsibility of the laboratories. *Forensic science international. Genetics*, 8(1), 33–35. https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2013.06.016

Barrot, C., Sánchez, C., Ortega, M., De Alcaraz-Fossoul, J., Carreras, C., Medallo, J., Bono, N., Royes, A., & Gené, M. (2014). DNA paternity tests in Spain without the mother's consent: the legal responsibility of the laboratories. *Forensic science international. Genetics*, 8(1), 33–35. https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2013.06.016

De Kock, A. A., & Kloppers, J. J. (2021). The impact of motherless paternity testing in a South African population. *African health sciences*, 21(1), 379–384. https://doi.org/10.4314/ahs.v21i1.48

Devouche, E., & Apter, G. (2023). Rencontrer son bébé et devenir père [Meeting your baby and becoming a father]. Soins. *Pediatrie, puericulture*, 44(334), 12–16. https://doi.org/10.1016/j.spp.2023.07.003

Doniec, A., Łuczak, W., Wróbel, M., Januła, M., Ossowski, A., Grzmil, P., & Kupiec, T. (2021). Confirmation of Paternity despite Three Genetic

Incompatibilities at Chromosome 2. *Genes,* 12(1), 62. https://doi.org/10.3390/genes12010062

Draper, H. e Ives, J. (2009). Prueba de paternidad: una mala prueba de paternidad. *Revista de Bienestar Social y Derecho de Familia, 31*(4), 407–418. https://doi.org/10.1080/09649060903430264

Gao, S., Li, B., Mao, L., Wang, W., Zou, D., Zheng, J., Zhou, M., Yu, S., Zheng, F., Yin, Y., Liu, S. Q., Yang, H., & Wang, H. (2023). A theoretical base for non-invasive prenatal paternity testing. *Forensic science international*, 346, 111649. https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2023.111649

Giannico, R., Forlani, L., Andrioletti, V., Cotroneo, E., Termine, A., Fabrizio, C., Cascella, R., Salvaderi, L., Linarello, P., Varrone, D., Gigante, L., & Giardina, E. (2023). NIPAT as Non-Invasive Prenatal Paternity Testing Using a Panel of 861 SNVs. *Genes,* 14(2), 312. https://doi.org/10.3390/genes14020312

Guzmán-Alberto, J. C., Martínez-Cortes, G., & Rangel-Villalobos, H. (2019). Inference of maternal uniparental disomy of the entire chromosome 2 from a paternity test. *International journal of legal medicine*, 133(1), 71–75. https://doi.org/10.1007/s00414-018-1811-y

Hernández S. y Mendoza T. (2018). Metodología de la investigación: las rutas cuantitativa, cualitativa y mixta. Primera edición. Editorial McGraw-Hill Interamericana. México. http://www.biblioteca.cij.gob.mx/Archivos/Materiales_de_consulta/Drogas_de_Abuso/Articulos/SampieriLasRutas.pdf

Hu, W. J., Yang, T. T., Wang, Y. Y., & Yan, J. W. (2024). The Latest Research Progress on Cell-Free DNA and Prospects of Its Forensic *Application. Fa yi xue za zhi,* 40(1), 70–76. https://doi.org/10.12116/j.issn.1004-5619.2022.521001

INEI (Instituto Nacional de Estadística). (2023). Población: Demografía. https://www.ine.cl/ine-ciudadano/definiciones-estadisticas/poblacion/demografia

Kouniaki, D. I., Fotopoulos, K. V., Tarassi, K., & Tsirogianni, A. (2024). Utilizing Massively Parallel Sequencing (MPS) of Human Leukocyte Antigen (HLA) Gene Polymorphism to Assess Relatedness in Deficiency *Parentage Testing. Genes*, 15(2), 150. https://doi.org/10.3390/genes15020150

Lagos L, Marcela, Poggi M, Helena, & Mellado S, Cecilia. (2011). Conceptos básicos sobre el estudio de paternidad. *Revista médica de Chile*, *139*(4), 542-547. Recuperado de: https://dx.doi.org/10.4067/S0034-98872011000400019

Larmuseau M. H. D. (2022). Mommy's baby, daddy's maybe: Misattributed paternity in a nationwide blood group database. *Journal of internal medicine*, 291(1), 2–4. https://doi.org/10.1111/joim.13357

Li, K., Zhao, Y., Chau, M. H. K., Cao, Y., Leung, T. Y., Kwok, Y. K., Choy, K. W., & Dong, Z. (2023). Low-Pass Genome Sequencing-Based Detection of Paternity: Validation in Clinical Cytogenetics. *Genes,* 14(7), 1357. https://doi.org/10.3390/genes14071357

Liu, Y., Sun, C., Si, H., Peng, Z., Gu, L., Guo, X., & Song, F. (2024). Bibliometric analysis of kinship analysis from 1960 to 2023: global trends and development. *Frontiers in genetics*, 15, 1401898. https://doi.org/10.3389/fgene.2024.1401898

Long J. (2021). Parentage analysis using genome-wide high-density SNP microarray. *Gene,* 785, 145605. https://doi.org/10.1016/j.gene.2021.145605

Ma, D., Lin, Y., Zhang, R., Wang, S., Hu, W., Ye, M., Gao, H., Wang, L., Song, Y., & Guo, H. (2024). Effect of uniparental disomy in parentage testing. *Legal medicine (Tokyo, Japan*), 67, 102381. https://doi.org/10.1016/j.legalmed.2023.102381

Margulis, M., & Danielli, A. (2019). Rapid and Sensitive Detection of Repetitive Nucleic Acid Sequences Using Magnetically Modulated Biosensors. *ACS omega,* 4(7), 11749–11755. https://doi.org/10.1021/acsomega.9b01071

Millogo, M., Soubeiga, S. T., Bazie, B. V. J. T., Zohoncon, T. M., Ouattara, A. K., Yonli, A. T., & Simpore, J. (2021). Disputed paternity presumption in Burkina Faso: determination of the biological fathers of children using ABO-rhesus/hemoglobin electrophoresis and STR assays. *Journal, genetic engineering & biotechnology,* 19(1), 130. https://doi.org/10.1186/s43141-021-00221-3

Ou, X., & Qu, N. (2020). Noninvasive prenatal paternity testing by target sequencing microhaps. *Forensic science international. Genetics*, 48, 102338. https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2020.102338

Semikhodskii, A., Makarova, T., & Sutyagina, D. (2023). Paternity pseudo-exclusion caused by tetragametic chimerism in a gestational surrogacy case. *European journal of medical genetics*, 66(8), 104799. https://doi.org/10.1016/j.ejmg.2023.104799

Shapiro D. (2019). The DNA Test Results That Uncovered a Family Secret. The *American journal of bioethics : AJOB*, 19(4), 6–7. https://doi.org/10.1080/15265161.2019.1579603

Thelingwani, R. S., Jonhera, C. A., & Masimirembwa, C. (2024). Analysis of data and common mutations encountered during routine parentage testing in Zimbabwe. *Scientific reports*, 14(1), 1385. https://doi.org/10.1038/s41598-024-51987-8

Tuğ, Ayşim and Akduman, Gülümser Gültekin (2009) General characteristics of paternity test applicants. *Turkish Journal of Medical Sciences*: Vol. 39: No. 6, Article 16. https://doi.org/10.3906/sag-0809-14

Xie, M., Wang, Y., Wei, C., Chen, C., Liu, X., Li, W., ... y Zhu, X. (2022). Tecnología de prueba de paternidad basada en islotes marcadores de microsatélite. *Acta Hydrobiologica Sinica* , 46 (12), 1932-1938.

Yudianto A., Setiawan F. y Sumino R. (2021) Paternity Test Through Kinship Analysis as Forensic Identification Technique. *Majalah Kedokteran Bandung, MKB*. 53(1):7–14. https://doi.org/10.15395/mkb.v53n1.2154

Zhou, P., Chen, X., Wang, Q., Wang, J., Xu, X., & Wei, R. (2022). An Application of ITO Analysis in Secondary Kinship Identification. *Computational and*

mathematical methods in medicine, 2022, 4381979.

https://doi.org/10.1155/2022/4381979

Anexos

Anexo 1. Matriz de operacionalización de variables

Variables	Definición conceptual de variable	Definición operacional	Dimensiones	Indicadores	Escala de medición
Prueba Paternidad	Se define como el número de repeticiones que presentan el presunto padre, la madre y el hijo/a para cada uno de los STR analizados (Lagos et al., 2011)	Los resultados de las pruebas de paternidad se obtendrán de los registros del laboratorio	Bidimensional	Positivo	Nominal
				Negativo	Nominal

Anexo2. Matriz de consistência

Problema	Variables	Objetivos	Hipótesis	Metodología	Conclusiones
¿Cuál es la realidad de la prueba de paternidad mediante la técnica de secuenciación del ADN complementario en sangre e hisopado bucal de pacientes atendidos en el laboratorio Corporación Genes Lima Perú 2024?	Características demográficas Prueba de paternidad	Objetivo general Analizar la prueba de paternidad realizada mediante la técnica de secuenciación del ADN complementario en sangre e hisopado bucal de pacientes atendidos en el laboratorio Corporación Genes Lima Perú 2024. Objetivos específicos • Describir las frecuencias de los diferentes tipos de muestras analizadas mediante prueba molecular en el área del laboratorio Corporación Genes de Lima Perú 2024 • Describir las frecuencias de los diferentes tipos de relaciones familiares analizadas mediante prueba molecular en el área de laboratorio Corporación Genes Lima Perú 2024. . Describir el protocolo de la prueba de paternidad	Dado que se trata de una investigación descriptiva no necesita la explicación de la hipótesis según Hernández y Mendoza (2018).	7.1 Tipo y diseño de investigación Según su finalidad la investigación es de tipo aplicada y según su alcance es descriptiva. El diseño de investigación no es experimental porque no se va a modificar la variable test de paternidad, según Hernández y Mendoza (2018). 7.2 Población y muestra Población La población está constituida por todos los resultados de paternidad del laboratorio de la Corporación Genes de la ciudad de Lima. Muestra La muestra está constituida por todos (208) de los registros de paternidad del laboratorio de la Corporación Genes de la ciudad de Lima, durante el 2024, según Hernández y Mendoza (2018). 7.3 Técnicas e instrumentos	La muestra de hisopado bucal representa la mayor proporción de muestras analizadas, con el 50.50% y el 35.10% de estas fueron positivos. La muestra sangre fue el 8.70% de las cuales el 5.8% fue positiva del total respectivamente. La categoría Padre-Hijo constituye la mayor proporción de las pruebas realizadas, con el 95.70% y el 65.9% fue positiva del total muestra respectivamente. Por otro lado, las categorías hermanos y madre hijo presentan una baja representación en la muestra con el 1% y 0.5% respectivamente. La técnica molecular para el diagnóstico de paternidad consiste en la recepción y toma de

		realizada mediante secuenciación de ADN complementario en sangre e hisopado bucal de pacientes		de investigación La técnica de investigación que se utilizara será documental porque se recopilara los registros del laboratorio Corporación Genes de la ciudad de Lima, durante enero a junio del 2024. El instrumento de investigación será una ficha de recolección de datos (ver anexo 3).	muestras para análisis de relación biológica; extracción de DNA de muestras biológicas; reacción en cadena de la polimerasa y análisis.

Anexo 3

INSTRUMENTO DE INVESTIGACIÓN

Ficha de recolección de datos

Paciente	**Parentesco**	**Tipo de Muestra**	**Prueba de paternidad**	
			Positivo	**Negativo**

Declaración Jurada Simple

La presente investigación es conducida por la Bachiller, Reynoso Palacios, Giovana Victoria de la Universidad San Pedro, solicita a su dirección el acceso de datos con el propósito de tener conocimiento tecnológico para la "Prueba de paternidad mediante la técnica de secuenciación del ADN complementario en sangre e hisopado bucal de pacientes atendidos en el laboratorio Corporación Genes Lima Perú 2024". Se garantiza que los datos serán utilizados solo en la presente investigación y en la forma que el proyecto adjunto indica. Igualmente, afirmo que se puede retirar algunos aspectos del proyecto si su dirección así lo requiera para la protección del establecimiento de salud o para la protección de los datos de los pacientes.

La información que se recoja será confidencial y no se usará para ningún otro propósito fuera de los de esta investigación. Sr director, si tiene alguna duda sobre este proyecto, puede hacer preguntas en cualquier momento durante la ejecución del proyecto.

Atentamente,

Chimbote, junio del 2024

Giovana Victoria Reynoso Palacios
DNI 07508744

Anexo 6

Informe de conformidad del asesor

USP
UNIVERSIDAD SAN PEDRO

INFORME DE ASESORÍA DE INFORME FINAL DE TESIS

A	:	**Dra. Jenny Cano Mejía** Decana de la Facultad de Ciencias de la Salud
De	:	**Dr. Manuel Quispe Villanueva** Asesor de Tesis
Asunto	:	**Culminación de Informe de Tesis**
Fecha	:	Chimbote, diciembre 05 del 2024

Ref. RESOLUCIÓN DE DIRECCION DE ESCUELA N°595– 2024– USP - EAPTM/D (Resolución de designación de asesor)

Tengo a bien dirigirme a usted, para saludarla cordialmente y al mismo tiempo comunicarle que el **INFORME DE TESIS** titulado: **"PRUEBA DE PATERNIDAD MEDIANTE LA TÉCNICA DE SECUENCIACIÓN DEL ADN COMPLEMENTARIO EN SANGRE E HISOPADO BUCAL DE PACIENTES ATENDIDOS EN UN LABORATORIO PRIVADO DE LIMA PERÚ 2024",** de la/el egresado(a), **Reynoso Palacios Giovana Victoria** del Programa **de Estudios de Tecnología Médica en Especialidad de Laboratorio Clínico y Anatomía Patológica**, se encuentra en condición de ser evaluado (a) por los miembros del Jurado Dictaminador.

Contando con su amable atención al presente, es ocasión propicia para renovarle las muestras de mi especial deferencia personal.

Atentamente,

Dr. Manuel Quispe Villanueva
Asesor de tesis

Anexo 7

Carta de aceptación de la institución donde se recopilo los datos

Lima, 30 de julio de 2024

Señora

Giovana Victoria Reynoso Palacios

Investigadora Principal

Presente.–

Asunto: Autorización para el uso de datos anónimos en estudio de secuenciación de ADN

De mi consideración:

Luego de saludarla cordialmente, me dirijo a usted en atención a su solicitud respecto a la recolección de datos para fines de generación de conocimiento tecnológico.

Al respecto, me complace informarle que se ha otorgado la autorización correspondiente para el uso de los datos entregados, los cuales han sido proporcionados de manera anónima, ciega y sin procesamiento, cumpliendo con los criterios éticos y normativos establecidos.

Estos datos, entregados de forma aleatoria, podrán ser utilizados exclusivamente para el desarrollo del estudio titulado:

"Prueba de paternidad mediante la técnica de secuenciación del ADN complementario en sangre e hisopado bucal de pacientes atendidos en un laboratorio privado de Lima, Perú – 2024."

Sin otro particular, quedo a su disposición para cualquier consulta adicional y le reitero mis saludos cordiales.

Atentamente,

COORPORACIÓN GENES
RICARDO REINOSO JEREMIAS
GERENTE GENERAL

Anexo 8

Resolución de aprobación del proyecto de investigación

USP UNIVERSIDAD SAN PEDRO | FACULTAD DE CIENCIAS DE LA SALUD
ESCUELA PROFESIONAL DE TECNOLOGÍA MÉDICA

"Año del Bicentenario, de la consolidación de nuestra Independencia, y de la conmemoración de las heroicas batallas de Junín y Ayacucho"

RESOLUCIÓN DE DIRECCIÓN DE ESCUELA Nº 683-2024-USP-EAPTM/D

Chimbote, diciembre 05 del 2024

VISTO:

La solicitud que presenta la/el graduado(a) **Reynoso Palacios Giovana Victoria,** con código **N° 3017200115**, de la **Escuela Profesional de Tecnología Médica con Especialidad en Laboratorio Clínico y Anatomía Patológica**, de sobre aprobación de proyecto de tesis.

CONSIDERANDO:

Que, para continuar con la ejecución de la tesis es necesario la aprobación del proyecto de tesis por el Jurado Dictaminador y emitir la resolución respectiva.

Que, de acuerdo al Artículo 20º numeral 20.06 del Reglamento de Grados y Títulos de la Universidad San Pedro vigente, si el dictamen del jurado aprueba el proyecto de tesis, el Director de Escuela Profesional emite la resolución, de ser desfavorable el graduado tiene plazo de 45 días para levantar las observaciones, pudiendo hacerlo por una tercera vez de ser desfavorable, hasta un plazo de 90 días.

Que, con dictamen de evaluación favorable, del 11 de noviembre del 2024, el Jurado Dictaminador, designado mediante **RESOLUCIÓN DE DIRECCIÓN DE ESCUELA Nº 625-2024-USP-EAPTM/D**, aprueba la ejecución del proyecto de tesis titulado **"PRUEBA DE PATERNIDAD MEDIANTE LA TÉCNICA DE SECUENCIACIÓN DEL ADN COMPLEMENTARIO EN SANGRE E HISOPADO BUCAL DE PACIENTES ATENDIDOS EN UN LABORATORIO PRIVADO DE LIMA PERÚ 2024".**

SE RESUELVE:

Artículo Primero: **APROBAR** el proyecto de tesis titulado **"PRUEBA DE PATERNIDAD MEDIANTE LA TÉCNICA DE SECUENCIACIÓN DEL ADN COMPLEMENTARIO EN SANGRE E HISOPADO BUCAL DE PACIENTES ATENDIDOS EN UN LABORATORIO PRIVADO DE LIMA PERÚ 2024"**, presentado por la/el graduado(a) **Reynoso Palacios Giovana Victoria**, otorgándole un plazo máximo de seis meses para su ejecución, a partir de la emisión de la presente resolución.

Artículo Segundo: **REGISTRAR** el proyecto de tesis en el libro respectivo de la **Escuela Profesional de Tecnología Médica.**

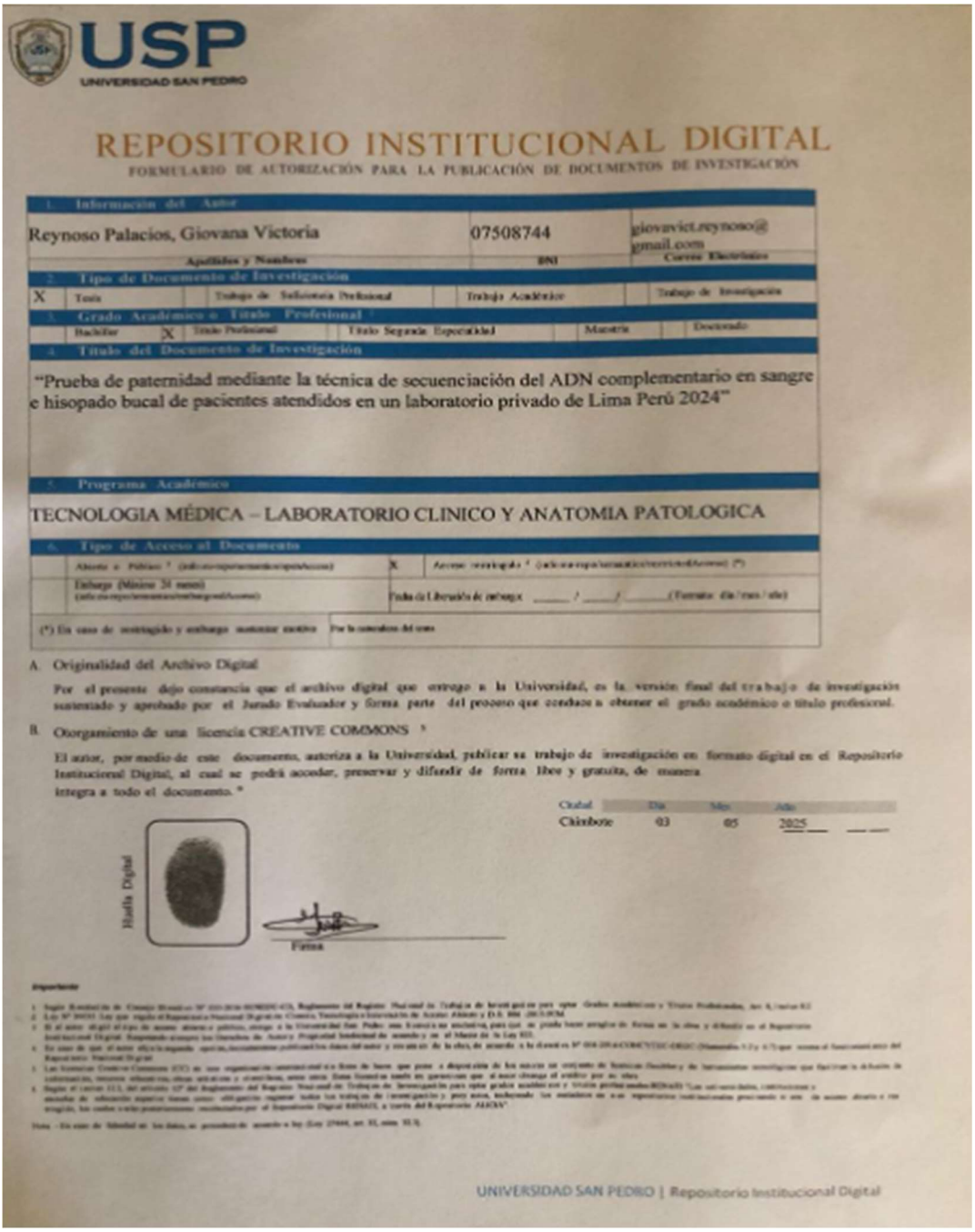
REGÍSTRESE, COMUNÍQUESE Y ARCHÍVESE

c.c.:
Interesado/a,
Archivo.
AEV/car.

UNIVERSIDAD SAN PEDRO CHIMBOTE
Dr. Agapito Enriquez Valera
DIRECTOR
Esc. Profesional de Tecnología Médica

Anexo 9

Formato de publicación en el repositorio institucional de la USP



USP
UNIVERSIDAD SAN PEDRO

REPOSITORIO INSTITUCIONAL DIGITAL
FORMULARIO DE AUTORIZACIÓN PARA LA PUBLICACIÓN DE DOCUMENTOS DE INVESTIGACIÓN

1. Información del Autor

Apellidos y Nombres	DNI	Correo Electrónico
Reynoso Palacios, Giovana Victoria	07508744	giovavict.reynoso@gmail.com

2. Tipo de Documento de Investigación

Tesis	Trabajo de Suficiencia Profesional	Trabajo Académico	Trabajo de Investigación
X			

3. Grado Académico o Título Profesional

Bachiller	Título Profesional	Título Segunda Especialidad	Maestría	Doctorado
X				

4. Título del Documento de Investigación

"Prueba de paternidad mediante la técnica de secuenciación del ADN complementario en sangre e hisopado bucal de pacientes atendidos en un laboratorio privado de Lima Perú 2024"

5. Programa Académico

TECNOLOGIA MÉDICA – LABORATORIO CLINICO Y ANATOMIA PATOLOGICA

6. Tipo de Acceso al Documento

	Abierto o Público [1]	X	Acceso restringido [2]
	Embargo (Mínimo 24 meses)	Fecha de Liberación de embargo: ____ / ____ / ____ (Formato: día / mes / año)	

(*) En caso de restringido y embargo mencionar motivo: Por la naturaleza del tema

A. Originalidad del Archivo Digital

Por el presente dejo constancia que el archivo digital que entrego a la Universidad, es la versión final del trabajo de investigación sustentado y aprobado por el Jurado Evaluador y forma parte del proceso que conducen a obtener el grado académico o título profesional.

B. Otorgamiento de una licencia CREATIVE COMMONS [3]

El autor, por medio de este documento, autoriza a la Universidad, publicar su trabajo de investigación en formato digital en el Repositorio Institucional Digital, al cual se podrá acceder, preservar y difundir de forma libre y gratuita, de manera íntegra a todo el documento. [4]

Ciudad	Día	Mes	Año
Chimbote	03	05	2025

Huella Digital

Firma

Importante

UNIVERSIDAD SAN PEDRO | Repositorio Institucional Digital

Prueba de paternidad mediante la técnica de secuenciación del ADN complementario en sangre e hisopado bucal de pacientes atendidos en un laboratorio Privado de Lima Perú 2024

INFORME DE ORIGINALIDAD

12%	11%	%	4%
INDICE DE SIMILITUD	FUENTES DE INTERNET	PUBLICACIONES	TRABAJOS DEL ESTUDIANTE

FUENTES PRIMARIAS

1	repositorio.usanpedro.edu.pe Fuente de Internet	5%
2	docplayer.es Fuente de Internet	1%
3	Submitted to Universidad Católica de Santa María Trabajo del estudiante	1%
4	patents.google.com Fuente de Internet	<1%
5	www.coursehero.com Fuente de Internet	<1%
6	pruebadeadnchiclayo.blogspot.com Fuente de Internet	<1%
7	Submitted to CONACYT Trabajo del estudiante	<1%
8	www.guiainfantil.com Fuente de Internet	<1%
9	lpderecho.pe Fuente de Internet	<1%
10	pesquisa.bvsalud.org Fuente de Internet	<1%

11	Submitted to Universidad Rey Juan Carlos Trabajo del estudiante	<1 %
12	fondo.senacyt.gob.gt Fuente de Internet	<1 %
13	hdl.handle.net Fuente de Internet	<1 %
14	www.iisd.ca Fuente de Internet	<1 %
15	1library.co Fuente de Internet	<1 %
16	tass.sepln.org Fuente de Internet	<1 %
17	www.bioline.org.br Fuente de Internet	<1 %
18	www.promega.com Fuente de Internet	<1 %
19	publicaciones.usanpedro.edu.pe Fuente de Internet	<1 %
20	fortanete.cjb.net Fuente de Internet	<1 %
21	Submitted to Universidad de San Martin de Porres Trabajo del estudiante	<1 %
22	www.scielo.org.bo Fuente de Internet	<1 %
23	gacetadental.com Fuente de Internet	<1 %
24	journal.uma.ac.ir Fuente de Internet	<1 %

25	repositorio.ucv.edu.pe Fuente de Internet	<1 %
26	repositorio.unan.edu.ni Fuente de Internet	<1 %
27	www.dspace.uce.edu.ec Fuente de Internet	<1 %
28	www.iraqinews.com Fuente de Internet	<1 %
29	www.laeditorialvirtual.com.ar Fuente de Internet	<1 %
30	www.scielo.cl Fuente de Internet	<1 %
31	ar.scribd.com Fuente de Internet	<1 %
32	dialogoforense.inacif.gob.gt Fuente de Internet	<1 %
33	iij.ucr.ac.cr Fuente de Internet	<1 %
34	manglar.uninorte.edu.co Fuente de Internet	<1 %
35	myklegal.com Fuente de Internet	<1 %
36	prezi.com Fuente de Internet	<1 %
37	pt.scribd.com Fuente de Internet	<1 %
38	www.tododisca.com Fuente de Internet	<1 %
39	www.scribd.com Fuente de Internet	

<1 %

Excluir citas	Apagado	Excluir coincidencias	< 6 words
Excluir bibliografía	Activo		

Anexo 10
BASE DE DATOS

TIPO DE MUESTRA	PARENTESCO	CONTROL DE PRUEBA DEL KIT (+/-)	RESULTADO
HB SANGRE	PH	CONFORME	P
HB SANGRE	PH	CONFORME	P
HB SANGRE	PH	CONFORME	P
HB SANGRE	PH	CONFORME	P
HB SANGRE	PH	CONFORME	P
SANGRE	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	P
HB SANGRE	PH	CONFORME	P
HB SANGRE	PH	CONFORME	N
HB	PH	CONFORME	N
HB	PH	CONFORME	P
SANGRE	PH	CONFORME	N
HB	PHM	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	N
HB	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	N
HB SANGRE	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	N
HB SANGRE	PH	CONFORME	P
TIPAJE	PH	CONFORME	N
TIPAJE	H1-H2	CONFORME	P
HB SANGRE	PH	CONFORME	N
HB	PH	CONFORME	N
HB (HIJO)/SANGRE (PADRE)	PH	CONFORME	P
HB / SANGRE	PH	CONFORME	P
SANGRE	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	N
HB	PH	CONFORME	P
HB SANGRE	PH	CONFORME	P
HB SANGRE	PH	CONFORME	P
HB SANGRE	PH	CONFORME	P
HB SANGRE	PH	CONFORME	P

HB	PH	CONFORME	P
HB SANGRE	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	P
HB SANGRE	PH	CONFORME	P
HB SANGRE	PH	CONFORME	N
HB SANGRE	PH	CONFORME	N
HB SANGRE	PH	CONFORME	P
HB SANGRE	PH	CONFORME	N
HB	PH	CONFORME	N
HB SANGRE	PH	CONFORME	P
HB SANGRE	PH	CONFORME	P
HB SANGRE	PH	CONFORME	N
HB	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	P
HB	TIO - SOBRINO	CONFORME	P
SANGRE	PH	CONFORME	P
HB SANGRE	PH	CONFORME	N
HB SANGRE	PH	CONFORME	N
HB SANGRE	PH	CONFORME	N
HB SANGRE	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	N
SANGRE	PH	CONFORME	N
HB SANGRE	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	N
HB	PH	CONFORME	N
HB	PH	CONFORME	P
SANGRE	PH	CONFORME	P
SANGRE	PH	CONFORME	P
SANGRE	PH	CONFORME	N
HB SANGRE	PH	CONFORME	N
HB	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	P

SANGRE	PH	CONFORME	N
HB SANGRE	PH	CONFORME	P
HB SANGRE	PH	CONFORME	P
HB SANGRE	PH	CONFORME	P
HB SANGRE	PH	CONFORME	P
HB SANGRE	PH	CONFORME	N
HB SANGRE	HERMANDAD	CONFORME	N
HB SANGRE	PH	CONFORME	N
HB SANGRE	PH	CONFORME	P
HB SANGRE	MH	CONFORME	P
HB	PH2	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	P
HB SANGRE	PH	CONFORME	N
HB	PH	CONFORME	N
HB	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	N
SANGRE	PH	CONFORME	P
HB SANGRE	PH	CONFORME	N
HB	PH	CONFORME	N
HB	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	N
HB	PH	CONFORME	P
HB	PH2	CONFORME	P
HB SANGRE	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	P
HB SANGRE	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	N
HB SANGRE	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	P
HB SANGRE	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	N
HB SANGRE	PH	CONFORME	P
HB SANGRE	PH	CONFORME	N
HB	PH	CONFORME	N
HB	PH	CONFORME	P
HB	HERMANDAD	CONFORME	N
HB	PH	CONFORME	N
HB	PH	CONFORME	P
HB SANGRE	PH	CONFORME	N
HB	PH	CONFORME	N
HB	PH	CONFORME	P
HB SANGRE	PH	CONFORME	P

HB SANGRE	PH	CONFORME	P
HB SANGRE	PH	CONFORME	N
HB	PH	CONFORME	N
HB	PH	CONFORME	P
HB SANGRE	PH	CONFORME	P
HB SANGRE	PH	CONFORME	N
HB	PH	CONFORME	N
HB	PH	CONFORME	P
HB SANGRE	PH	CONFORME	P
HB SANGRE	PH	CONFORME	P
SANGRE	PH	CONFORME	N
HB	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	N
HB	PH	CONFORME	N
HB	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	P
SANGRE	PH	CONFORME	P
HB SANGRE	PMH	CONFORME	N
HB	PH	CONFORME	P
HB SANGRE	PH	CONFORME	N
HB SANGRE	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	P
SANGRE	PH	CONFORME	P
HB SANGRE	PH	CONFORME	P
HB SANGRE	PH	CONFORME	P
SANGRE	PH	CONFORME	P
HB SANGRE	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	P
SANGRE	PH	CONFORME	N
HB SANGRE	PH	CONFORME	P
SANGRE	PH	CONFORME	P
HB SANGRE	PH	CONFORME	N
HB	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	N
HB	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	P
SANGRE	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	P
HB	PHM	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	P

HB/ SANGRE	PH	CONFORME	N
HB	PH	CONFORME	N
HB	PH	CONFORME	N
HB	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	N
HB	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	N
SANGRE	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	P
HB SANGRE	PH	CONFORME	P
HB SANGRE	PH	CONFORME	P
HB SANGRE	PH2	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	P
HB SANGRE	PH	CONFORME	N
HB	PH	CONFORME	N
HB SANGRE	PH	CONFORME	P
HB SANGRE	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	P
HB SANGRE	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	N
HB SANGRE	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	P
HB SANGRE	PH	CONFORME	P
HB+SANGRE	PH	CONFORME	N
HB	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	N
HB	PH	CONFORME	P
HB+SANGRE	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	P
HB	PH	CONFORME	P
HB+SANGRE	PH	CONFORME	P
HB+SANGRE	PH	CONFORME	N
HB+SANGRE	PH	CONFORME	P
HB+SANGRE	PH	CONFORME	P
HB+SANGRE	PH	CONFORME	P
HB+SANGRE	PH	CONFORME	P
HB+SANGRE	PH	CONFORME	P
HB+SANGRE	**PHM**	CONFORME	N

Apendice

Acta de sustentación

USP
UNIVERSIDAD SAN PEDRO

FACULTAD DE CIENCIAS DE LA SALUD
ESCUELA PROFESIONAL DE TECNOLOGÍA MÉDICA

ACTA DE DICTAMEN DE SUSTENTACIÓN DEL INFORME DE TESIS N. º 0004-2025/TTM

En la Ciudad de Chimbote, siendo las 08:00 pm horas, del 03 de abril del 2025, y estando dispuesto al Reglamento de Grados y Títulos de la Universidad San Pedro, aprobado con Resolución de Consejo Universitario 3539-2019-USP/CU, en su artículo 22º, se reúne mediante videoconferencia el Jurado Evaluador de Tesis designado mediante RESOLUCIÓN DE DECANATO N.º 0286-2025-USP-FCS/D, de la **Escuela Profesional de Tecnología Médica con Especialidad en Laboratorio Clínico y Anatomía Patológica,** integrado por:

Dr. Agapito Enríquez Valera	**Presidente**
Dr. Julio Pantoja Fernández	**Secretario**
Dra. Dora Castro Rubio	**Vocal**
Lic. Elida Aranda Benites	**Accesitaria**

Con el objetivo de evaluar la sustentación de la tesis titulada **"PRUEBA DE PATERNIDAD MEDIANTE LA TÉCNICA DE SECUENCIACIÓN DEL ADN COMPLEMENTARIO EN SANGRE E HISOPADO BUCAL DE PACIENTES ATENDIDOS EN UN LABORATORIO PRIVADO DE LIMA PERÚ 2024", presentado por la/el bachiller:**

Reynoso Palacios Giovana Victoria.

Terminada la sustentación y defensa de la tesis, el Jurado Evaluador luego de deliberar, acuerda **APROBAR** por **UNANIMIDAD** la tesis, quedando expedita(o) la/el bachiller para optar el Título Profesional de Licenciado(a) en Tecnología Médica con Especialidad en Laboratorio Clínico y Anatomía Patológica.

Siendo las 08:50 horas pm se dio por terminada la sustentación.

Los miembros del Jurado Evaluador de Informe de Tesis firman a continuación, dando fe de las conclusiones del acta:

Dr. Agapito Enríquez Valera
PRESIDENTE/A

Dr. Julio Pantoja Fernández
SECRETARIA/O

Dra. Dora Castro Rubio
VOCAL

c.c.: Interesada
Expediente
Archivo.

Dedicatoria

A mi esposo Miguel, por su amor, su apoyo,
paciencia y comprensión en este camino académico.

Agradecimiento

Primero a Dios, porque siempre me ayudo a pesar de las circunstancias de la vida.
A mi familia por su apoyo incondicional y estimulo en los años de estudio
A todos los docentes que de una y otra manera inculcaron las ganas de seguir adelante y culminar esta tesis.

Derechos de autoría y declaración de autenticidad

Quien suscribe, Reynoso Palacios, Giovana Victoria, con Documento de Identidad 07508744, autora de la tesis titulada "Prueba de paternidad mediante la técnica de secuenciación del ADN complementario en sangre e hisopado bucal de pacientes atendidos en un laboratorio Privado de Lima Perù 2024" y a efecto de cumplir con las disposiciones vigentes consideradas en el Reglamento de Grados y Títulos de la Universidad San Pedro, declaro bajo juramento que:

1. La presente tesis es de mi autoría. Por lo cual otorgo a la Universidad San Pedro la facultad de comunicar, divulgar, publicar y reproducir parcial o totalmente la tesis en soportes analógicos o digitales, debiendo indicar que la autoría o creación de la tesis corresponde a mi persona.
2. He respetado las normas internacionales de cita y referencias para las fuentes consultadas, establecidas por la Universidad San Pedro, respetando de esa manera los derechos de autor.
3. La presente tesis no ha sido publicada ni presentada con anterioridad para obtener grado académico título profesional alguno.
4. Los datos presentados en los resultados son reales; no fueron falseados, duplicados ni copiados; por tanto, los resultados que se exponen en la presente tesis se constituirán en aportes teóricos y prácticos a la realidad investigada.
5. En tal sentido de identificarse fraude plagio, auto plagio, piratería o falsificación asumo la responsabilidad y las consecuencias que de mi accionar deviene, sometiéndome a las disposiciones contenidas en las normas académicas de la Universidad San Pedro.

Chimbote, octubre del 2024

Reynoso Palacios, Giovana Victoria
DNI 07508744