

REVISTA CHILENA DE PEDIATRÍA

SciELO Chile

www.revistachilenadepediatria.cl

www.scielo.cl

Rev Chil Pediatr. 2019;90(1):26-35 DOI: 10.32641/rchped.v90i1.730

ARTÍCULO ORIGINAL

Identificación genética de recién nacidos en Perú: un estudio piloto

Genetic identification of newborns in Peru: a pilot study

Carlos D. Neyra^{a,b}, Marilyn R. Suárez^c, Eddie D. Cueva^a, Henri Bailon^d, Ericson L. Gutiérrez^{d,e}

^aGerencia de Calidad e Innovación, Registro Nacional de Identificación y Estado Civil. Lima, Perú

Recibido el 4 de mayo de 2018; aceptado el 30 de septiembre de 2018

Resumen

Objetivo: Determinar la factibilidad de la identificación genética a un grupo de recién nacidos provenientes de un hospital público de Lima-Perú. Material y Método: Estudio descriptivo de corte transversal, realizado por Registro de Identificación y Estado Civil de Perú, en recién nacidos vivos y sus respectivas madres, provenientes del Hospital Carlos Lanfranco La Hoz (Puente Piedra-Lima) durante el mes de enero del 2015. Las muestras fueron colectadas en tarjetas FTA (Fast Technology for Analysis of nucleic acids) que permitieron un análisis directo por PCR (Polymerase Chain Reaction) y electroforesis capilar de 21 marcadores genéticos de tipo STR (Short Tandem Repeats), incluyendo el marcador amelogenina para la determinación del sexo. Resultados: Se incluyeron un total de 44 madres y 45 recién nacidos (existió un parto gemelar). La probabilidad de maternidad fue mayor al 99.9% en todos los casos. No se encontraron dificultades en la toma de muestra, ni en el transporte del material. El material biológico obtenido fue suficiente para la obtención de ADN para realizar la identificación del recién nacido. Conclusiones: El procedimiento de identificación genética fue factible de realizar en este hospital. Se identificaron etapas del proceso que podrían mejorarse para la posible aplicación de este procedimiento a una mayor escala en el Perú.

Abstract

Objective: To determine the feasibility of genetic identification in a group of newborns from a public hospital in Lima, Peru. **Material and Method**: Descriptive cross-sectional study, carried out by the National Registry of Identification and Civil Status of Peru, on live newborns and their mothers, from the Carlos Lanfranco La Hoz Hospital (Puente Piedra, Lima) during January. 2015. The samples were

Palabras clave: Identificación

Identificación biométrica; Identificación genética; Reacción de Polimerasa en Cadena; ADN; Perú; Recién Nacido

Keywords:

Biometric identification; genetic identification; Polymerase Chain Reaction; DNA; Peru; Newborn

Correspondencia: Carlos D. Neyra carlosdavidmp@outlook.es

Como citar este artículo: Rev Chil Pediatr 2019;90(1):26-35. DOI: 10.32641/rchped. v90i1.730

^bFacultad de Medicina Humana, Universidad Alas Peruanas. Lima, Perú

^cDepartamento de Ginecología, Instituto Nacional Materno Perinatal. Lima, Perú

dCentro Nacional de Salud Pública, Instituto Nacional de Salud. Lima, Perú

eFacultad de Medicina Humana, Universidad de San Martin de Porres-Lima, Perú

collected in FTA (Fast Technology for Analysis of nucleic acids) cards that allowed a direct analysis by PCR (Polymerase Chain Reaction) and capillary electrophoresis of 21 STR markers (Short Tandem Repeats), including the amelogenin marker for gender determination. **Results:** 44 mothers and 45 newborns were included (there was a twin birth). The probability of maternity was higher than 99.9% in all cases. There were no difficulties in the sampling or in transporting the material. The obtained biological material was enough to collect DNA to identify the newborn. **Conclusions:** The genetic identification procedure was possible to perform in this hospital. Stages of the process that could be improved were identified for the eventual application of this procedure on a larger scale in Peru.

Introducción

La identificación es un derecho inherente del recién nacido, reconocido tanto en el Perú¹ como a nivel internacional². Actualmente se usa las huellas pelmatoscópicas para la identificación del recién nacido, así mismo a partir de los 8 meses se puede incorporar la huella dactilar, sin embargo estas no garantizan una identificación confiable³.

En el Perú, a pesar de los esfuerzos de asegurar la relación madre-hijo a través de la inscripción del nacido vivo y el uso de pulseras de identificación con números idénticos en la madre y el niño en la sala de partos, se han evidenciado casos de vulneración de identidad del recién nacido, causados por errores de cambio, pérdida, rotura, alteración u olvido durante la colocación de dichas pulseras.

En tal sentido, la situación descrita genera ventanas de vulnerabilidad que pueden ser aprovechadas para la trata de niños, para cometer fraudes de identidad contra el grupo vulnerable de los recién nacidos, contra el Estado Peruano y contra la seguridad jurídica del Perú.

El análisis de ADN para la identificación se viene utilizando a nivel mundial frecuentemente en el campo de la criminalística, forense y en la investigación biológica de la paternidad⁴. No obstante, también puede ser utilizada para fines de identificación civil como ocurre en Kuwait⁵.

El objetivo de este estudio es determinar la factibilidad de la identificación genética a un grupo de recién nacidos provenientes de un hospital público de Lima Perú.

Material y Método

Diseño y población de estudio

Estudio descriptivo de corte transversal, la población estuvo constituida por recién nacidos vivos y sus madres del Hospital Carlos Lanfranco La Hoz ubicado en el distrito de Puente Piedra-Lima, realizado en el mes de enero de 2015. Al ser un estudio piloto, la selección de los participantes se realizó de forma no probabilística por conveniencia y se trabajó por

ello con 45 recién nacidos (incluyendo gemelos) y 44 madres. Los criterios de inclusión de los participantes fueron: recién nacidos de ambos sexos, que realizaron el trámite de Registro de Acta de Nacimiento y/o inscripción del DNI (Documento Nacional de Identidad) por primera vez dentro el hospital; con ambos padres presentes y mayores de edad. Los criterios de exclusión fueron: padres de familia que no hayan deseado participar y madres que hayan tenido trasplante de médula ósea y/o que hayan recibido transfusión sanguínea en los últimos 6 meses, eventos que pudieran eventualmente generar perfiles genéticos del donante.

Herramienta de recolección de datos

El RENIEC desarrolló el Sistema de Gestión de Identificación Genética en 3 módulos principales: i) Registro de Consentimiento (consentimiento informado firmado); ii) Cargo de envío de muestras biológicas (cadena de custodia) y iii) Registro de Identificación genética; además del registro de responsables.

Toma de muestra

Se tomó una muestra de sangre del talón del recién nacido por punción con lanceta, y en el caso de la madre se tomó dos gotas de sangre de su dedo índice. Ambas muestras fueron obtenidas en tarjetas FTA separadas (incluye código de barras). Las tarjetas FTA contienen una matriz tratada químicamente que lisa una gran variedad de tejidos (por ejemplo sangre, saliva, entre otros). Luego de lisar las células, el ADN liberado se une a la tarjeta donde la matriz protege a los ácidos nucleicos de agentes dañinos que pudieran producir degradación reduciendo de esta forma la degradación de los mismos⁶.

Obtención del perfil genético

El análisis de las muestras biológicas las realizó el Laboratorio de Biología Molecular y de Genética (LA-BIMOG) del Instituto de Medicina Legal y Ciencias Forenses del Ministerio Público. La determinación del perfil genético se hizo por amplificación directa de los marcadores genéticos de ADN no codificante de proteínas con el kit GlobalFiler™ Expres siguiendo las in-

dicaciones del fabricante (Life Technologies), previamente validado. El kit utilizado incluyó 21 marcadores tipo STR autosómicos, 1 STR y 1 indel en el cromosomas Y, y amelogenina (marcador específico de sexo). Para el análisis solo se utilizaron 20 marcadores tipo STR (D8S1179, D21S11, D7S820, CSF1PO, D3S1358, TH01, D13S317, D16S539, D2S1338, D19S433, vWA, TPOX, D18S51, D5S818, FGA, D2S441, D22S1045, D10S1248, D1S1656 y D12S391) y la amelogenina no incluyendose en el estudio el STR y el indel en el cromosomas Y.

La amplificación de marcadores STR, conocida como Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR), se realizó empleando la técnica de amplificación múltiple, en la cual se amplificaron todos los marcadores simultáneamente. Los productos de amplificación del PCR fueron detectados mediante la técnica de electroforesis capilar con detección por fluorescencia en el Analizador Genético Applied BiosystemsTM 3500.

Seguidamente de la electroforesis capilar, los datos fueron importados a un software de tipificación genética, GeneMapper® ID-X v1.1, en el que se observó el perfil genético. Primero se revisaron los tamaños de los diferentes fragmentos de ADN que componen el estándar interno utilizado en cada muestra. A continuación, se revisó la asignación alélica del control positivo cuyo perfil genético se conoce previamente. Además, se revisó que el control negativo y el blanco no presentaran picos, con el fin de descartar contaminación. Los perfiles genéticos debieron ser corroborados con un marcador estándar de referencia. Para lo cual se evaluó los tamaños de los picos observados (por encima de 50 RFU), la calidad, la concentración, la presencia o no de interferencias y posibles alelos nulos.

Finalmente, luego de pasar satisfactoriamente las pruebas de control de calidad, y solo en ese caso, se procedió a exportar dichos perfiles del software Gene-Mapper® ID-X v1. Se realizó el cálculo de la frecuencia de un determinado perfil genético utilizando el software Familias v3.1.9⁷; además se realizó el cotejo entre todos los perfiles genéticos generados y se calculó el índice de maternidad utilizando el software Familias v3.1.9⁷.

Equilibrio de Hardy Weinberg

Para que una población se encuentre en equilibrio de Hardy-Weinberg (H-W) debe de cumplir tres requisitos: Que la población sea bastante grande, que el apareamiento ocurra producto del azar y que esta no presente ni mutaciones, ni deriva genética ni selección natural. Con ello, se predice que las frecuencias alélicas de una población permanecerán en equilibrio a través de las generaciones⁸. Para evaluar que los loci se encuentran en equilibrio de Hardy-Weinberg se comparó la heterocigocidad esperada (HE) y observada (HO)

según el equilibrio de Hardy-Weinberg utilizando un nivel de significación del 0,05 con el software Arlequin v3.5.2.2 en las madres y en los recién nacidos. Hernandez y Trejo⁹ definen la HO como "la frecuencia relativa de individuos heterocigotos observada en la muestra para cualquiera de los loci" y la HE como "la probabilidad de que dos alelos tomados al azar de la población sean diferentes".

Registro y almacenamiento del perfil genético

Los perfiles genéticos generados se consideran como información personal sensible, por lo que es necesario protegerlos. Para ello se derivó una representación alfanumérica de cada uno de ellos, y se procedió a registrarlos en dos bases de datos (BD) disociadas: i) En la BD del laboratorio se grabaron el perfil genético y la representación alfanumérica indicada; ii) En la BD del RENIEC se grabó esa misma representación alfanumérica con todos los datos personales como nombre, fecha de nacimiento, dirección, etc. De esta manera la información registrada en cada BD no permitiría identificar a una persona; y sólo por mandato judicial se podrían usar las dos BD conjuntamente para obtener información personal.

La base de datos del laboratorio estaba compuesta de los perfiles genéticos vinculados con códigos alfanuméricos de 40 caracteres. Los códigos de 40 caracteres fueron una representación de los perfiles genéticos, obtenidos mediante la codificación comprimida y encriptada de la información genética, a través del algoritmo SHA 1 (Secure Hash Algorithm)¹⁰. Dicho algoritmo tuvo como característica el ser irreversible (al año 2015), es decir, no se podía obtener el perfil genético directamente a partir del código alfanumérico generado.

En la base de datos del RENIEC se encontraba el código alfanumérico de 40 caracteres vinculado a los datos personales de los recién nacidos (DNI, nombres y apellidos, fecha de nacimiento, lugar de nacimiento, datos de la madre –DNI, nombres y apellidos– y datos del padre –DNI, nombres y apellidos–) y los datos personales de las madres (DNI, nombres y apellidos, fecha de nacimiento, lugar de nacimiento).

Pruebas de cotejo de identificación

Cotejos a partir de códigos alfanuméricos

Se realizó una verificación (1:1) para corroborar que la persona es quien dice ser. Para ello, se utilizó el código alfanumérico donde se encontraban apropiadamente ligados los datos personales del recién nacido y los datos personales de la madre. Se utilizó el código alfanumérico generado por el RENIEC y se verificó a través del Registro de Identificación Genética que la persona era quien decía ser.

Relación de parentesco

Para el presente estudio piloto, se realizó una comparación de alelos entre el recién nacido y todas las madres que participaron en el estudio (cotejo 1:n), ya que el recién nacido ha obtenido un alelo de la madre y un alelo del padre, realizándose dicha comparación para los 20 marcadores de tipo STR utilizados. Se calcularon con el Likelihood Ratio (LR) y la probabilidad de maternidad (W) en base a las frecuencias hispanas proporcionadas por el manual de Globalfiler by Life Technologies For Forensic or Paternity 2013.

Likelihood Ratio (LR)

El LR se calcula utilizando el cociente de dos probabilidades (H1/H2) siendo H1 la probabilidad de obtener el genotipo del hijo suponiendo que "X" es la madre y H2 la probabilidad del genotipo del hijo suponiendo que su madre es cualquier otra mujer diferente de X (la madre asignada en la maternidad)¹¹. Para dicho cálculos se utilizó el software Familias v3.1.9⁷.

Probabilidad de maternidad

La probabilidad de maternidad se calculó dividiendo el valor obtenido del (LR) entre (LR+1), dado que se supone que la probabilidades *a priori* de H1 y H2 son iguales y se expresó el resultado en porcentaje ((LR/LR+1)*100)¹¹.

Consideraciones éticas

El estudio fue aprobado por el Comité de Ética del Hospital Carlos Lanfranco La Hoz. Ambos padres firmaron previamente un consentimiento informado, el cual fue redactado siguiendo las recomendaciones de la UNESCO¹². Los datos genéticos fueron irreversiblemente disociados de personas identificables. Además, la muestra biológica fue acompañada del formulario de cadena de custodia, en el que constó la individualización de todas las personas que tuvieron la muestra biológica a su cargo. Finalmente, todas las muestras biológicas fueron eliminadas, por lo que se garantiza la confidencialidad de los datos.

Resultados

Se incluyeron un total 89 individuos (44 madres y 45 recién nacidos, debido a que una de las madres tuvo gemelos, ambos del sexo masculino).

Frecuencias alélicas de madres e hijos

Las frecuencias alélicas de un marcador genético indican la cantidad de veces que se observa un alelo en la población con relación al número total de alelos de dicho marcador y se representa como una fracción o porcentaje. Entre los marcadores genéticos analizados se observó que los loci (o sistemas genéticos o marcadores genéticos) más polimórficos tuvieron 11 alelos y los menos polimórficos 5 (Tabla 1).

Se observaron alelos muy frecuentes en la población estudiada de madres e hijos para algunos marcadores genéticos como el alelo 10 del marcador D2S441 (67,00%), alelo 15 del marcador D3S1358 (59,85%), alelo 11 del marcador D5S818 (56,06%), alelo 7 del marcador TH01 (54,27%), alelo 8 del marcador TPOX (50,00%), alelo 15 del marcador D22S1045 (46,97%) y el alelo 14 del marcador D10S1248 (43,18%). Al ser comparadas las frecuencias alélicas más frecuentes de la población estudiada con las frecuencias hispanas proporcionadas por el manual de Globalfiler se observa que los alelos más frecuentes de los marcadores coinciden con los identificados en presente estudio a excepción de los marcadores D12S391 (alelo 18), D13S317 (alelo 12), D16S539 (alelo 11), D18S51 (alelo 17), D21S11 (alelo 30), FGA (alelo 24) (Tabla 2).

También existen alelos raros o poco frecuentes en la población de estudio como el alelo 9 del marcador D8S1179, el alelo 27 del marcador D21S11, el alelo 11 del marcador D3S1358, el alelo 8 del marcador TH01, el alelo 8 del marcador D16S539, el alelo 16 y 21 del marcador D2S1338, el alelo 8.2 y 12.2 del marcador D19S433, el alelo 19 y 20 del marcador vWA, el alelo 10 del marcador TPOX, el alelo 11 y 19 del marcador D18S51, el alelo 14 del marcador D5S818, el alelo 18 y 28 del marcador FGA, el alelo 11.3 y 13 del marcador D2S441, el alelo 13 y 14 del marcador D22S1045, el alelo 10 del marcador D10S1248, el alelo 15.3 y 18 del marcador D1S1656, el alelo 15 y 25 del marcador D12S391. Todos los alelos mencionados están presentes en un 0,76% en la población estudiada. Al ser comparados los resultados obtenidos con las frecuencias hispanas proporcionadas por el manual de Globalfiler se observa que los alelos menos frecuentes que coinciden corresponden a los marcadores D5S818 (alelo 14), D8S1179 (alelo 9), TH01 (alelo 10) mientras que los alelos menos frecuentes del resto de marcadores no coinciden (Tabla 2).

Además, se debe de mencionar que aparecen solo en la población estudiada los alelos 8.2 del marcador D19S433, el alelo 11 del marcador D3S1358, el alelo 20.3 del marcador D12S391 y el alelo 29.2 del marcador D21S11 (Tabla 2).

Equilibrio de Hardy Weinberg

Se observó que todos los loci presentan heterocigosidad alta (mayor al 57% en los recién nacidos y en las madres). En el caso de las recién nacidos el menor valor fue de 57% (loci D3S1358 y D5S818) y el mayor valor fue del 91% (D2S1338) mientras que en el caso de las madres el menor valor fue el 57% (loci D3S1358 y D2S441) y el mayor valor fue del 87% (locus D18S51). Los loci analizados se encuentran en Equilibrio de Hardy Weinberg (p-valor > 0,05) considerando la corrección de Bonferroni por comparaciones múltiples¹³.

D2S441 D22S1045 D10S1248 D1S1656 D12S391			0,0227	0,0303	0,1742	0,1061	0,1288 0,0076	0,0076 0,1667 0,0152	0,0152 0,0227 0,0455	0,0076 0,2273		0,0076 0,0985 0,0327 0,0076 0,0076	D25441 D2251045 D1051248 D151656 D125391
D10S1248			9/00′0	0,0303	0,2879	0,4318	0,1818	9090'0					D1051248
D22S1045			0,0303		9/00′0	0,0076	0,4697	0,4394	0,0455				D2251045
D25441			0,6667	0,0076	9/00′0	9090'0	0,0303						D25441
FGA										9/00′0	0,1061	0,1061 0,0682 0,0379 0,1742 0,1364 0,0379 0,0076	FGA 132
D55818	0,1591	0,0379	0,0530	0,0985	0,0833	9/00′0							D55818
D18S51			0,0076	0,1061	0,1591	0,2424	0,1742	0,1061	0,1515	0,0303	0,0076		D18S51
TPOX	0,5000	0,0379	0,0076	0,1364									TPOX
νWA						0,0152	0,0682	0,3712	0,3561	0,1742	0,0076		VWA
D195433	0,0076			0,0227	0,0076	0,1439	0,1970	0,0455					D195433
D2S1338								9/00′0	0,1439	0,1667	0,2879 0,1212	0,0076 0,0455 0,1591 0,0455 0,0152	D251338
D16S539	9/00′0	0,2273	0,2955	0,1818	0,0379								D165539 D251338 D195433
D13S317	0,0530	0,3030	0,1591	0,1212	0,1136	0,0985							D135317
TH01	0,2576 0,5227 0,0076	0,0606	0,1439										TH01
D3S1358			9/00/0			0,0152	0,5985	0,2045	0,1288	0,0455			D3S1358
CSF1P0		0,0303	0,2348	0,3182	0,0758	0,0303							CSF1P0
D75820	0,0455	0,0530	0,3182	0,1742	0,0303								D75820
D21S11												0,0076 0,0227 0,1742 0,0076 0,1591 0,0682	0,2197 0,2197 0,0758 0,0227 D21511
D8S1179		9/00′0	0,0530	0,1667	0,3636	0,2273	0,1136	0,0303					D8S1179

Alelos	Población estudiada (n = 132)	Población Hispana (n = 368)	Alelos	Población estudiada (n = 132)	Población Hispana (n = 368)	Alelos	Población estudiada (n = 132)	Población Hispana (n = 368)	Alelos	Población estudiada (n = 132)	Población Hispana (n = 368)	Alelos	Población estudiada (n = 132)	Población Hispana (n = 368)
2	Marcador D8S1179	1179	Marcad	Marcador D21S11 (continuación)	ontinuación)	2	Marcador D3S1358	1358		Marcador D16S539	5539	Marcad	Marcador D19S433 (continuación)	ontinuación)
œ	*	8900'0	34,2	0,0227	0,0014	6	*	0,0014	9	*	0,0014	11,2	*	0,0027
6	9/00′0	0,0027	35	*	0,0027	11	9/00′0	*	∞	0,0076	0,0204	12	0,0227	0,0842
10	0,0530	0,0951	36	*	0,0014	12	*	0,0014	б	0,2273	0,1019	12,2	9/00′0	0,0149
1	0,0379	0,0503	38	*	0,0014	13	*	0,0041	10	0,2955	0,1576	13	0,1136	0,1848
12	0,1667	0,1250	2	Marcador D751	1179	14	0,0152	0,0910		0,2500	0,3179	13,2	0,1439	0,0693
13	0,3636	0,3315	7	*	0,0109	15	0,5985	0,3465	12	0,1818	0,2418	4	0,3106	0,3071
41	0,2273	0,2323	o	0,0455	0,1250	16	0,2045	0,0269	13	0,0379	0,1440	14,2	0,0455	0,0462
15	0,1136	0,1141	0	0,0530	0,0829	17	0,1288	0,1793	14	*	0,0122	15	0,1970	0,1304
16	0,0303	0,0353	10	0,3182	0,2514	18	0,0455	0,0992	15	*	0,0027	15,2	0,0758	6/90'0
17	*	0,0680	10,3	*	0,0014	19	*	0,0082		Marcador D2S1338	1338	16	0,0455	0,0408
2	Marcador D21S11	1511	11	0,3788	0,2938		Marcador TH01	01	16	9/00/0	0,0380	16,2	0,0303	0,0217
24	*	0,0027	11,3	*	0,0014	9	0,2576	0,2717	17	0,1439	0,1780	17	*	0,0054
56	*	0,0041	12	0,1742	0,1902	7	0,5227	0,3274	18	0,1667	0,0652	17,2	*	0,0041
27	9/00′0	0,0149	13	0,0303	0,0394	_∞	9/00′0	0,0870	19	0,2879	0,1753		Marcador vWA	4>
28	0,0227	0,1141	14	*	0,0041	6	9090'0	0,1277	20	0,1212	0,1386	1	*	0,0014
28,2	*	0,0014		Marcador CSF1	:1PO	6,3	0,1439	0,1712	21	9/00′0	0,0367	12	*	0,0027
29	0,1742	0,2106	7	*	0,0095	10	9/00′0	0,0149	22	0,0455	0,0652	13	*	0,0014
262	9/00′0	*	_∞	*	0,0054	_	Marcador D13S317	5317	23	0,1591	0,1427	4	0,0152	0,0652
30	0,1591	0,2717	0	0,0303	0,0258	∞	0,0530	2680'0	24	0,0455	0,0883	15	0,0682	0,0978
30,2	0,0303	0,0177	10	0,2348	0,2514	6	0,3030	0,1630	25	0,0152	0,0543	16	0,3712	0,3057
31	0,0682	0,0516	1	0,3106	0,2745	10	0,1591	960'0	27	*	0,0014	17	0,3561	0,2717
31,2	0,2121	0,1114	11,1	*	0,0014	1	0,1515	0,2283	28	*	0,0014	17,3	*	0,0014
32	*	0,0136	12	0,3182	0,3791	12	0,1212	0,2745		Marcador D19S433	5433	2	0,1742	0,1807
32,2	0,2197	0,1250	13	0,0758	0,0462	13	0,1136	0,1005	8,2	0,0076	*	19	9/00′0	0,0639
33	*	0,0014	14	0,0303	0,0054	14	0,0985	0,0476	10	*	0,0041		Marcador TPOX	XO
33,2	0,0758	0,0530	15	*	0,0014	2	Marcador D16S539	5539	1	*	0,0163	9	*	0,0054

N A	estudiada (n = 132)	Hispana (n = 368)	Alelos	Población estudiada (n = 132)	Población Hispana (n = 368)	Alelos	Población estudiada (n = 132)	Población Hispana (n = 368)	Alelos	Población estudiada (n = 132)	Población Hispana (n = 368)	Alelos	Población estudiada (n = 132)	Población Hispana (n = 368)
Marcac	Marcador TPOX (continuación)	ıtinuación)	Marcad	Marcador D18551 (co	continuación)	Marca	Marcador FGA (continuación)	tinuación)	2	Marcador D10S1248	1248	Marcado	Marcador D1S1656 (continuación)	ontinuación)
7	*	0.0014	23	*	0.0054	27	0.0379	0.0312	∞	*	0.0014	18	0.0076	0.0082
_∞	0.5000	0.4783	24	*	0.0027	28	0.0076	0.0095	თ	*	0.0014	18.3	0.0227	0.0448
თ	0.0379	0.0802	25	*	0.0014	29	*	0.0041	10	0.0076	0.0014	19.3	*	0.0068
10	0.0076	0.0611		Marcador D5S	5818	30	*	0.0014	=	*	0.0027	2	Marcador D12S391	5391
1	0.3182	0.2636	7	0.1591	0.0530		Marcador D2S441	441	12	0.0303	0.0448	13	*	0.0014
12	0.1364	0.1073	∞	*	0.0149	თ	*	0.0014	13	0.2879	0.2595	14	*	0.0014
13	*	0.0014	თ	0.0379	0.0503	10	0.6667	0.3030	14	0.4318	0.3614	15	0.0076	0.0408
14	*	0.0014	10	0.0530	0.0435		0.1970	0.3193	15	0.1818	0.2269	16	0.0152	0.0503
2	Marcador D18551	3551	=	0.5606	0.3818	11.3	0.0076	0.0462	16	9090.0	0.0774	17	0.0455	0.0734
б	*	0.0014	12	0.0985	0.3016	12	0.0303	0.0380	17	*	0.0231	17.1	*	0.0027
10	*	0.0068	13	0.0833	0.1454	12.3	*	0.0041		Marcador D1S1656	1656	17.3	*	0.0122
1	0.0076	0.0122	14	0.0076	0.0095	13	0.0076	0.0190	თ	*	0.0014	18	*	0.1970
12	0.1061	0.1046		Marcador FG	.GA	14	9090.0	0.2310	10	*	0.0041	18.3	0.0152	0.0217
13	0.1591	0.1141	18	0.0076	0.0068	15	0.0303	0.0340	=======================================	0.0227	0.0394	19	0.2348	0.1875
4	0.2424	0.1630	19	0.1061	0.0761	16	*	0.0041	12	0.0303	0.0938	19.3	*	0.0122
14.2	*	0.0014	20	0.0758	0.0870	2	Marcador D22S1045	1045	13	0.1742	0.0707	20	0.2879	0.1712
15	0.1742	0.1223	20.2	*	0.0027	10	*	0.0068	14	0.1061	0.1128	20.3	0.0076	*
15.2	*	0.0014	21	0.1061	0.1345	=======================================	0.0303	0.0761	14.3	*	0.0027	21	0.0985	0.0870
16	0.1061	0.1291	22	0.0682	0.1440	12	*	0.0095	15	0.1288	0.1549	22	0.0303	0.0679
17	0.1515	0.1793	22.2	*	0.0054	13	0.0076	0.0109	15.3	0.0076	0.0299	23	*	0.0367
8	0.0303	0.0774	23	0.0379	0.1291	14	0.0076	0.0204	16	0.1667	0.1508	24	0.0227	0.0190
19	0.0076	0.0353	23.2	*	0.0041	15	0.4697	0.4348	16.1	*	0.0027	25	0.0076	0.0136
20	0.0152	0.0019	24	0.1742	0.1562	16	0.4394	0.3465	16.3	0.0152	0.0516	76	*	0.0027
21	*	0.0217	25	0.2424	0.1372	17	0.0455	0.0842	17	0.0227	0.0679	27	*	0.0014
22	*	0.0068	56	0.1364	0.0707	18	*	0.0095	17.3	0.2955	0.1576			

Probabilidad de maternidad

La probabilidad promedio encontrada entre 44 madres y 45 recién nacidos fue de 99.9990 + 0.0003, siendo mayor de 99.9% en todos los casos (Tabla 3).

Discusión

El presente estudio piloto demuestra que la identificación genética de recién nacidos en un hospital público de Lima es factible ya que se aplicaron adecuadamente los protocolos y procedimientos lo que se verifica al obtener una probabilidad de maternidad mayor al 99,9% en todos los casos y lo que fue considerado como una medida de aseguramiento de la calidad. De acuerdo a Ma et al. la obtención de una probabilidad mayor al 99,9% confirman la relación biológica entre dos individuos lo que está acorde con los resultados obtenidos.

Un estudio piloto similar realizado en un hospital de España muestra que la identificación genética fue factible de realizar, utilizando un protocolo fácil y rápido y materiales conocidos para los profesionales de salud. Una cantidad mínima de sangre fue suficiente para obtener el ADN para realizar las determinaciones¹⁵.

Otro estudio realizado en España comparó el método de identificación de huellas dactilares y la identificación genética del recién nacido, encontrando que ninguna huella dactilar tomada a 30 recién nacidos tuvo valor para su identificación, por el contrario, la muestra obtenida para la identificación genética del recién nacido fue suficiente para realizar las pruebas moleculares, realizando una adecuada identificación de 30 niños incluidos en el estudio¹⁶.

En el presente estudio la toma de muestra fue realizada por profesionales de la salud, la metodología empleada para la toma de sangre es ampliamente conocida por ellos, debiendo capacitarse únicamente en la obtención de la muestra de sangre en las tarjetas FTA. Así mismo, no existieron dificultades para el almacenamiento y transporte de la muestra, obteniendo material genético suficiente para su procesamiento.

Si bien no se observaron dificultades en la toma de muestra de sangre de talón en los recién nacidos, cabe resaltar que un estudio expone que la toma de muestra de sangre de cordón umbilical también podría utilizarse para la identificación genética del recién nacido, teniendo la ventaja de evitar el efecto traumático en los niños y sus posibles complicaciones como una infección. Esta evidencia podría tomarse en consideración para futuros estudio que amplíen los resultados encontrados¹⁷. En el presente estudio se utilizó la muestra de sangre de talón ya que se aprovechó la toma de muestra sanguínea realizada durante el tamizaje neonatal en el

Tabla 3. Valores de Likelihood Ratio (LR) en las muestras y probabilidad de maternidad *a posteriori*

Madre/hijo	LR	Porcentaje (%)
1	177779616.6	99.999994
2	4691189.21	99.9999787
3	127294.3	99.9999980
4	43746.89	99.9977142
5	11168.58	99.9910471
6	282673.34	99.9996462
7	45313690.87	99.9999978
8	691778.6	99.9998554
9	1114833.63	99.9999103
10	204468.03	99.9995109
11	1162574990	99.999999
12	73050.25	99.9986311
13	33077865.1	99.9999970
14	272534640.7	99.9999996
15	63479610.14	99.9999984
16	41314.4	99.9975796
17	52275.18	99.9980871
18	1007811.55	99.9999008
19	5883227.67	99.9999830
20	62292760.1	99.9999984
21*	4036084.19	99.9999752
22	405617.08	99.9997535
23*	4036084.19	99.9999752
24	249839.08	99.9995997
25	85635.09	99.9988323
26	23976075.98	99.9999958
27	192031.7	99.9994793
28	3323408.28	99.9999699
29	257853560.8	99.9999996
30	110493.54	99.9990950
31	32962.71	99.9969664
32	105591175.9	99.9999991
33	2204553.99	99.9999546
34	30280589.61	99.9999967
35	30731378.1	99.9999967
36	167075.47	99.9994015
37	210156.3	99.9995242
38	2763551.13	99.9999638
39	76646.65	99.9986953
40	75843647.6	99.9999987
41		99.9839368
42	6224.42 1619646.25	99.9839368
43 44	31952169.23	99.9999969
	72685.3	99.9986242
45 Gemelos. Fuente: Ela	1352441.92	99.9999261

^{*}Gemelos. Fuente: Elaboración propia

que obtienen sangre para realizar el tamiz de las enfermedades metabólicas y hormonales más frecuentes.

En Florida, EEUU, se recomienda la toma de muestra de sangre en las tarjetas FTA para una futura determinación de la identificación genética del recién nacido en casos de dudas. Las tarjetas con la sangre de la madre y del niño se entregan a los padres y se les recomienda que sean guardadas en un lugar seguro¹⁸.

De igual manera, la sociedad Española de Pediatría recomienda la toma de muestra de sangre de cordón umbilical, siempre con el consentimiento materno, con el único fin de comprobar la identificación del recién nacido en caso de dudas. El tiempo recomendable que puede durar estas tarjetas con el material biológico es de 1-5 años, aunque se reporta que podrían ser válidas para identificación genética hasta por 15 años¹⁹.

El almacenamiento de la muestra de sangre en tarjetas FTA resultaría adecuada en un primer momento en el Perú, con el fin de contar con el material genético correctamente almacenado, para posteriormente realizar su análisis, en caso de la implementación rutinaria de la identificación genética del recién nacido, o en caso de dudas sobre la identificación de mismo.

En cuanto a experiencias internacionales en relación a bases de datos nacionales de información genética encontramos que un registro nacional biométrico basado en ADN ya es utilizado en Kuwait⁵. Así mismo se está implementando una base de datos poblacional con información genética en el Emirato Árabe de Dubái, el cual será utilizado principalmente para la prevención y tratamiento de enfermedades²⁰. En China existe una base de datos nacional de ADN que contiene datos padres de niños perdidos, niños víctima de trata, extraviados o sin hogar. Un estudio reciente basado en este registro, recomienda el uso de más de 18 marcadores genéticos para una correcta identificación de padres e hijos²¹. A nivel de Perú, este es el primer estudio piloto que evalúa la factibilidad de esta tecnología para fines de identificación.

En el presente estudio, se identificaron etapas del proceso de identificación genética que podrían mejorarse para una futura implementación de esta tecnología a una mayor escala en el Perú, como, por ejemplo, la automatización para la obtención, análisis y encriptación de los perfiles genéticos. La toma de muestra fue fácilmente aplicada por personal de salud, sin embargo, la recolección y el almacenamiento de la misma, implica una actividad adicional en la atención del recién nacido por parte de la enfermera. En este estudio, la recolección y el almacenamiento de estas tarjetas con la sangre del niño, estuvo a cargo de un personal del RENIEC, contratado específicamente para este proceso. Es por tanto necesario una fuerte colaboración institucional entre el MINSA y el RENIEC para poder replicar esta experiencia en otros hospitales del Perú.

Dentro de las limitaciones del presente estudio se encuentra el poco número de muestras, y la aplicación en un solo hospital totalmente accesible desde el centro de la ciudad. Sin embargo, este hospital tiene las mismas dificultades logísticas y administrativas de otros hospitales de Lima y las regiones del Perú, lo cual podría dar una idea de la factibilidad de esta técnica en hospitales del mismo o mayor nivel resolutivo. Otra limitación es que muchos nacimientos a nivel nacional, se dan en establecimientos del primer nivel de atención (centros de Salud), en los cuales el número de personal y recursos son mucho menores que en Hospitales, por lo que se tendría que explorar la viabilidad de la toma de muestra y el transporte desde comunidades alejadas hasta la institución que realizará la identificación genética.

En conclusión, la identificación genética fue factible de realizar de manera conjunta entre el RENIEC, un hospital y el laboratorio (LABIMOG). El RENIEC gestionó adecuadamente todo el proceso incluido el registro de consentimiento, el cargo de envío de muestras biológicas y el registro de Identificación genética. El protocolo de toma de muestra fue fácilmente aplicado por personal de salud capacitado, el almacenamiento y transporte del material biológico se realizó sin dificultades hasta la institución donde se realizó la determinación de la identificación genética. El LABI-MOG realizó de manera adecuada el procesamiento de la muestra y la obtención del perfil genético. Finalmente, todo ello se ve reflejado en la probabilidad de maternidad cuyo valor en todos los caso fue superior al 99,9%.

Estos resultados podrían servir para la posible implementación de esta técnica, con el fin de realizar la identificación inequívoca del recién nacido en caso de sospecha o dudas referente a la identificación, sin embargo, es necesario realizar un estudio de evaluación de esta tecnología sanitaria (ETS) en el contexto peruano, así como de otros estudios piloto para recomendar su implementación a mayor escala para identificación por perfiles genéticos en personas naturales para mejorar el proceso de identificación de menores de edad, apoyar al sistema jurídico, identificación segura en caso de tratas de personas, colaborar en la solución de problemas de paternidad (cuando sea requerido legalmente) y apoyo al sistema forense.

Futuros estudios deberían evaluar la factibilidad de otros tipos de toma de muestra biológica, porque pueden existir casos en los que no se autorice la toma de muestra sanguínea en tarjetas FTA, y el estudio de otras tecnologías de obtención de perfiles genéticos, así mismo incluir establecimientos de salud del primer nivel de atención, procedentes de sierra y selva peruana, con el fin de evaluar las dificultades existentes para la aplicación de esta técnica a nivel nacional.

Responsabilidades Éticas

Protección de personas y animales: Los autores declaran que los procedimientos seguidos se conformaron a las normas éticas del comité de experimentación humana responsable y de acuerdo con la Asociación Médica Mundial y la Declaración de Helsinki.

Confidencialidad de los datos: Los autores declaran que han seguido los protocolos de su centro de trabajo sobre la publicación de datos de pacientes.

Derecho a la privacidad y consentimiento informado: Los autores han obtenido el consentimiento informado de los pacientes y/o sujetos referidos en el artículo. Este documento obra en poder del autor de correspondencia.

Conflicto de intereses

Los autores declaran no tener conflicto de intereses.

Financiamiento

Registro Nacional de Identificación y Estado Civil (RENIEC) Perú.

Agradecimientos

Se agradece a la Gerencia de Calidad e Innovación y a la Gerencia de Tecnología de la Información del RENIEC por el apoyo invaluable durante toda la realización del estudio piloto. Al Hospital Carlos Lanfranco La Hoz de Puente Piedra (Lima-Perú) por el apoyo durante la toma de muestra a las personas participantes en el estudio piloto y al Laboratorio de Biología Molecular y de Genética del Instituto de Medicina Legal y Ciencias Forenses del Ministerio Público por el procesamiento y obtención de los perfiles genéticos que fueron uno de los insumos más importantes para realizar la validación de nuestros protocolos y procesos.

Referencias

- Constitución Política del Perú. 1993.
- Convención sobre los Derechos del Niño UNICEF. 1989. Disponible en: http:// www.un.org/es/events/childrenday/pdf/ derechos.pdf
- Kotzerke J, Davis SA, Hayes R, Horadam KJ. Newborn and infant discrimination: revisiting footprints. Aust J Forensic Sci. 2017;1-14.
- Champod C, Tistarelli M. Biometric
 Technologies for Forensic Science and
 Policing: State of the Art. In: Tistarelli
 M., Champod C. (eds) Handbook of
 Biometrics for Forensic Science. Advances
 in Computer Vision and Pattern
 Recognition. Springer, Cham. 2017.
- Santurtún A, Lema C, Zarrabeitia MT. Derechos fundamentales en el contexto de las bases de datos forenses: Revisión y análisis de la Ley 78/2015 de Kuwait. Rev Esp Med Leg. 2017;43:79-86.
- 6. GE Healthcare Life Sciences. Whatman FTA Brochure; Your forensic samples, our experience. 2011 [citado el 9 de noviembre de 2015]; Disponible en: https://www.thermofisher.co.nz/Uploads/ file/Supplier-Partners/GE-Whatman-FTA. pdf.
- Kling D, Tillmar AO, Egeland T.
 Familias 3-Extensions and new functionality. Forensic Sci Int: Genetics 2014;13:121-7.

- Filho Rigotti J. Comparación de la frecuencia alélica de 13 loci STRs de la población brasileña y española para fines de identificación humana en genética forense. [Tesis doctoral]. Valladolid: Universidad de Valladolid; 2012.
- Hernández AW, Trejo F. Estudio Genético Poblacional de Frecuencias Alélicas para 15 marcadores STR presentes en la Población del Estado de Zacatecas Aplicado a la Práctica Forense. Archivos de Medicina 2014;10:1-24.
- Shah CS, Panchal DR. Secured Hash Algorithm-1: Review Paper. Int J Adv Res Eng Tech 2014;2:26-30.
- Prieto, L. Valoración de la prueba de ADN: Métodos básicos. En: Curso "Familial testing and mixtures". España: Universidad Santiago de Compostela; 2015. Disponible en: http://familias. name/01-Metodos-basicos.pdf.
- Organización de las Naciones Unidas para la Educación, la Ciencia y la Cultura. Declaración Internacional sobre los Datos Genéticos Humanos: [Internet]. UNESCO; 2003. Portal.unesco.org. 2017 [citado el 9 de mayo de 2017]. Disponible en: http://portal.unesco.org/es/ev.php-URL_ID=17720&URL_DO=DO_ TOPIC&URL_SECTION=201.html.
- Bonferroni, CE. Teoria statistica delle classi e calcolo delle probabilità. Pubblicazioni del R Istituto Superiore di Scienze Economiche e Commerciali di

- Firenze. 1936;8:3-62.
- 14. Ma H, Zhu H, Guan F, Cherng S. Paternity Test. J Am Sci. 2006;2:76-92.
- 15. Lorente MJ, Lorente JA, Lorente M, et al. Genetic maternal-child identification with DNA. Rev Enferm 1999;22:547-52.
- Sanz MC, Espinal MI, Domínguez A, Fernández S, Cardesa F, Hernández M. La identificación del recién nacido: Asignatura pendiente. Matronas Prof0 2012;13:66-72.
- Crouch SJ, Rowell KR, Beiser SO.
 Umbilical cord blood for newborn DNA identification. J Obstet Gynecol Neonatal Nurs. 2007;36:308-312.
- McCartney P. Newborn Identification, Screening, and DNA. MCN Am J Matern Child Nurs. 2003;28:124.
- Sanz E, Sánchez M, Rite S, Benavente I, Leante J, Pérez A, Ruiz C, Sánchez M. Recomendaciones para la identificación inequívoca del recién nacido. An Pediatr 2017;87:235.
- 20. Dankar FK, Ptitsyn A, Dankar SK. The development of large-scale de-identified biomedical databases in the age of genomics-principles and challenges. Hum Genomics. 2018;12(1):19.
- Yu K., Fung WK. Evaluation of parentage testing accuracy of child trafficking cases: Combining the exclusion probability and likelihood ratio approaches. Forensic Science International: Genetics. 2018;34:81-7.