Universidad Norbert Wiener

DIRECCIÓN DE POSGRADO Y SEGUNDAS ESPECIALIDADES
MAESTRÍA EN CIENCIA CRIMINALÍSTICA

Tesis

Análisis del cromosoma sexual Y en casos de violación sexual en mujeres del Perú, periodo 2018 al 2022

Para optar el Grado Académico de

Maestro en Ciencia Criminalística

Presentado por:

Autora: Medina Quintanilla, María Elena

Código ORCID: https://orcid.org/0009-0007-2576-2350

Asesor: Dr. Neyra Rivera, Carlos David

Código ORCID: https://orcid.org/0000-0003-1594-4947

Lima – Perú

2026

Universidad Norbert Wiener	DECLARACIÓN JURADA DE AUTORIA Y DE ORIGINALIDAD DEL TRABAJO DE INVESTIGACIÓN		
	CÓDIGO: UPNW-GRA-FOR-033	VERSIÓN: 01 REVISIÓN: 01	FECHA: 08/11/2022

Yo, Maria Elena Medina Quintanilla Egresado(a) de la Escuela de Posgrado de la Universidad privada Norbert Wiener declaro que la tesis “Analisis del cromosoma sexual Y en casos de violacion sexual en mujeres del Peru, periodo 2018 al 2022” Asesorado por el docente: Carlos David Neyra Rivera Con DNI 42528324 Con ORCID https://orcid.org/0000-0003-1594-4947 tiene un índice de similitud de 17 (Diecisiete)% con código oid: 14912:630280136 verificable en el reporte de originalidad del software Turnitin.

Así mismo:

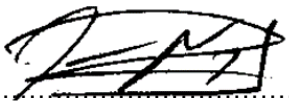
1. Se ha mencionado todas las fuentes utilizadas, identificando correctamente las citas textuales o paráfrasis provenientes de otras fuentes.
2. No he utilizado ninguna otra fuente distinta de aquella señalada en el trabajo.
3. Se autoriza que el trabajo puede ser revisado en búsqueda de plagios.
4. El porcentaje señalado es el mismo que arrojó al momento de indexar, grabar o hacer el depósito en el turnitin de la universidad y,
5. Asumimos la responsabilidad que corresponda ante cualquier falsedad, ocultamiento u omisión en la información aportada, por lo cual nos sometemos a lo dispuesto en las normas del reglamento vigente de la universidad.

En caso se supere el porcentaje de similitud máximo establecido (mayor a 20%), tanto general como por fuente primaria, afirmo que dicho excedente corresponde al marco metodológico del documento. Procedo a detallar y justificar del mismo:





……
Firma de autor 1
María Elena Medina Quintanilla
DNI: 29535016



……
Firma
Asesor: Carlos David Neyra Rivera
DNI: 42528324

Lima, 27 de septiembre de 2026.

Dedicatoria

A Dios porque cada día bendice mi vida, por su amor infinito, por resguardar y guiar mis pasos y porque me permite avanzar en mis metas

Agradecimientos

A mi padre por forjar mi carácter y ser la estrella que me guía desde el cielo, a mi madre por su paciencia y amor, a mis hermanos por estar siempre en todas las etapas de mi vida y a mis amigos que hacen mi vida más feliz, gracias por ser parte importante de ella

ÍNDICE

Dedicatoria 3
Agradecimientos 3

Índice de tablas

Tabla1. Número de Contribuyentes por su procedencia 22
Tabla 2. Asociación entre perfil genético degradado y conservación de la muestra 24
Tabla 3. Asociación entre tipo de soporte con muestra y perfil genético afectado por inhibidores de la PCR 25
Tabla 4. Asociación entre número de alelos y cuantificación de la muestra 26
Tabla 5. Asociación entre tipo de soporte con muestra y número de alelos 27

Índice de gráficos

Grafico 1. Perfiles Genéticos de Haplotipos del Cromosoma Sexual Y por año 21
Grafico 2. Nomenclatura del marcador loci DYS576 fuente adaptada de Butler J.M.....47
Resumen 5
Abstract 5

I. INTRODUCCIÓN 6
II. METODOLOGÍA 12
2.1 Tipo de Estudio 12
2.2 Enfoque de la Investigación 12
2.3 Diseño de la Investigación 13
2.4 Población, Muestra y Muestreo 13
2.5 Variables 16
2.6 Procedimientos 19
2.7 Aspectos Éticos 20
2.8 Hipótesis de investigación 21
III. RESULTADOS 22
IV. DISCUSIÓN 32
V. CONCLUSIONES 35
VI. REFERENCIAS 36

VII. ANEXOS……40
Anexo 1. Matriz de consistencia 42
Anexo 2. Instrumentos 44
Anexo 3. Nomenclatura de los STRs del cromosoma sexual Y..... 48
Anexo 4. Constancia de aprobación del proyecto. 49
Anexo 5. Carta de presentación 50
Anexo 6. Resolución de aceptación 51
Anexo 7. Confiabilidad del instrumento.....54
Anexo 8. Turnitin 55
Anexo 9. Validación del nstrumento.....56

Análisis del cromosoma sexual Y en casos de violación sexual en mujeres del Perú, periodo 2018 al 2022.

Analysis of the Y sex chromosome in cases of sexual assault against women in Peru, 2018–2022

Medina Quintanilla, María Elena
Egresada de la Maestría en Ciencia Criminalística
Universidad Privada Norbert Wiener, Lima, Perú.

Resumen.

En la investigación se logró establecer cómo el análisis del cromosoma sexual Y está relacionado a casos de violación sexual en mujeres del Perú, durante los años 2018 al 2022, a través del método hipotético deductivo, enfoque cuantitativo, tipo de investigación aplicada, alcance asociativo; en una muestra seleccionada por muestreo probabilístico aleatorio simple se identificó a 109 informes periciales que incluyen los STRs del cromosoma sexual Y en delitos de violación sexual. Se obtuvo que las muestras en buen estado de conservación presentan mayor proporción de perfiles genéticos no degradados con un 92.3%, los hisopos concentran la mayor proporción de perfiles completos (52.7%) seguido de las láminas (17.6%), respecto al número de alelos se registraron en el 68.5% la presencia de un alelo, de los cuales el 26.1% concentra el mayor nivel de cuantificación de cromosoma Y entre 0.5 al 0.8 y en segundo lugar (13.5%) representan el 0.9 al 1.2 nano gramo de ADN, se concluye que existe relación significativa entre el perfil genético afectado por inhibidores de la PCR o degradado de acuerdo a la conservación de la muestra obtenido mayor éxito de perfil genético en muestras bien conservadas, siendo la concentración de ADN ideal para lograr perfiles completos el rango entre 0.5 a 0.8 nano gramos.

Palabras clave: prueba pericial, genética forense, violencia sexual, criminalística forense, Acceso a la justicia.

Abstract

This study established the relationship between Y-chromosome analysis and sexual assault cases involving women in Peru between 2018 and 2022. Using a quantitative, applied, and

correlational research design, 109 forensic reports involving Y-chromosome STRs in sexual assault cases were identified through simple random sampling. The results showed that well-preserved samples yielded a higher proportion (92.3%) of non-degraded genetic profiles; swabs yielded the highest proportion of complete profiles (52.7%), followed by slides (17.6%). Regarding allele counts, the presence of a single allele was recorded in 68.5% of cases; within this group, 26.1% showed Y-chromosome quantification levels between 0.5 and 0.8 ng, while 13.5% showed levels between 0.9 and 1.2 ng. The study concludes that there is a significant relationship between the genetic profile—specifically regarding PCR inhibition or degradation—and sample preservation, with greater success achieved in well-preserved samples; the ideal DNA concentration range for obtaining complete profiles was found to be 0.5 to 0.8 nanograms.

Keywords: expert evidence, forensic genetics, sexual violence, forensic criminalistics, access to justice.

I. INTRODUCCIÓN

La violencia es un problema visible de las sociedades en el mundo, siendo la violencia contra la mujer una expresión brutal de desigualdad a comparación con los hombres (Díaz et al., 2021); de acuerdo con la ONU (2023) la violencia como acto sexual, emocional, económico, psicológico y físico influye en otra persona; siendo la violencia contra la mujer la que ha alcanzado cifras alarmantes a nivel mundial, Aramburú (2020) encontró que esta violencia provoca cambios en la personalidad y comportamiento de la víctima; que va afectando principalmente a niñas y adolescentes menores de 14 años (Gutiérrez, 2022).

En el Perú las víctimas de violencia sexual en los últimos años van aumentando, en el 2025 se registraron 32180 casos atendidos en el centro emergencia mujer (MIMP, 2025); cifras en las que se puede evidenciar la necesidad de intervención de nuestras autoridades para poder solucionar la problemática, por otro lado se puede observar la escasa funcionalidad y eficacia de las diferentes evidencias que son utilizadas en el proceso de juicio para poder dictaminar la sentencia en beneficio de la agraviada (Góngora, 2023).

Estudios internacionales como Góngora (2023) destaca la importancia del ADN en casos de delitos sexuales en el ámbito penal; por su lado López (2021) registra a través de STR del cromosoma Y diferencias entre poblaciones afrodescendientes; asimismo Larroza (2021), menciona que los perfiles genéticos completos son más informativo como aporte a la

autoridad solicitante, enfatiza una correcta toma de muestra, una óptima conservación de la misma y que la cantidad de ADN que se tenga sea la adecuada para una amplificación , obtención y posterior análisis de los perfiles genéticos. Durante el procedimiento de extracción puede haber perdida de la concentración del cromosoma sexual Y, evidenciándose en la cuantificación, por ello es importante establecer un procedimiento previo como la extracción diferencial basado en el aislamiento de la información del agresor garantizando así perfiles genéticos de ADN precisos y claros (Wright, S., Huge, B., 2020). Velasco (2024) concluye que en las investigaciones de nivel forense es importante el estudio del ADN ya que nos proporciona pruebas precisas y sólidas para poder vincular al sospechoso o sospechosos en un delito o en casos que puedan relacionarse entre sí; López (2021) en su estudio presenta 2 marcadores genéticos con mayor diversidad genética, siendo estos los marcadores DYS385 y DYF387S1, llegando a la conclusión que ambas poblaciones poseen una composición trihíbrida con un ligero aumento en la población de Morelos mostrando diferencia afro descendencia; Larroza (2020), indica que todo resultado de una investigación depende de una correcta toma de muestra, una óptima conservación de la misma y que la cantidad de ADN que se tenga sea la adecuada para una amplificación , obtención y posterior análisis de los perfiles genéticos.

Estudios nacionales como Mondragón (2021) menciona que los casos de violencia sexual se dan en hogares disfuncionales como funcionales, siendo los hogares situados en zonas más alejadas los más frecuentes y donde las costumbres son aún más arraigadas; Bermejo (2020) establece que los contribuyentes ya sean múltiples o solo un contribuyente en los perfiles mezcla logran identificar a uno o varios contribuyentes. Los avances de la genética forense permiten que dé muestras complejas y en diferentes condiciones, se pueda obtener perfiles genéticos (Albarran y Fernández 2015). Dávalos (2023) determina la necesidad de contar con un Banco de datos genético de los diferentes casos de agresiones sexual, con la finalidad de poder individualizar al agresor o agresores facilitando así la investigación en la etapa de inicio; Neyra et al. (2022) concluye que los STR de los Haplotipos Y-STR presentan un elevado polimorfismo es de gran utilidad en estudios forenses e identificación de individuos. Romero (2022), menciona que la prueba pericial científica tiene un aporte y un valor significativo en procesos por violación demostrando así la importancia de la prueba pericial científica. Jiménez y Cisneros (2020) Tuvieron como resultado que los menores de edad fue la población más vulnerable en los casos de violación sexual.

El cromosoma sexual Y es una herramienta útil para poder identificar perfiles

genéticos de linaje paterno en muestras de mezcla de ADN, sobre todo en aquellos casos de agresiones sexuales donde el componente femenino se encuentra en niveles mayores y la presencia del componente masculino se encuentra en proporciones minoritarias dificultando el análisis respectivo. (Costa, R. y Fadoni, J.,2025). El cromosoma Y es el más pequeños del genoma humano, contiene cerca de 60 millones de pares de bases y tiene un menor número de genes comparado con cualquier otro cromosoma (Pérez, 2010). Los STRs del cromosoma Y son utilizados para la identificación de individuos de género masculino en diversos casos criminales. Actualmente en las diferentes bases de datos genómicas se pueden encontrar centenares de STRs de cromosoma Y usados por la mayoría de los laboratorios forense para resolver ciertos casos de filiaciones complejas y especialmente los diferentes casos criminales en los que se observa mezcla con componente de ADN masculino y ADN femenino como en las violaciones sexuales. La importancia de utilizar STR del cromosoma Y es su herencia por línea paterna, ausencia de recombinación y que al presentarse algún tipo de mutación esta podrá ser estudiada por largos periodos de tiempo, la forma de herencia en "bloque" a lo que se le ha denominado haplotipo (Kayser, et al., 1997).

Un haplotipo es un conjunto de polimorfismos o variantes que tienden a heredarse juntos, porque no suele haber cruzamientos o recombinaciones entre estos marcadores o diferentes polimorfismos. Un haplotipo se refiere a una combinación de alelos en un solo gen, o alelos en múltiples genes específico por lo general refleja una combinación única de variantes que residen una cerca de la otra en un cromosoma, se trata de variaciones en el ADN que están tan juntos que no tienen tendencia a recombinarse, y por lo tanto tienden a ser transmitidas juntas a través de generaciones. El Proyecto Internacional HapMap nos ha dado una herramienta excelente para la detección de estas regiones de haplotipos que se transmiten juntos y utilizarlas en estudios genéticos (National Human Genome Research Institute, 2026). Los STRs del Cromosoma Y son utilizados por los diferentes laboratorios, y están localizados en la región no codificante del cromosoma Y, registrando una variación entre los individuos. Estos marcadores o secuencias tienen un gran poder de individualizar, siendo aplicados en los casos de identificación forense ya que se trasmiten de padres a hijos varones en un gran bloque, variando solamente en función de la posible tasa de mutación que puedan presentar, pero se transmite sin modificaciones por la línea del linaje paterno ya que la tasa de mutación suele ser baja. (Villanueva, 2007).

Los Kits comerciales están optimizados para permitir la amplificación directa hasta de 27 loci, en una reacción, la combinación de un sistema fluorescente de 6 colores y el uso de

enlaces no nucleótidos permite la amplificación simultánea y la separación eficiente de los 27 loci Y -STR durante el análisis automatizado de fragmentos de ADN, el marcaje del fluorócromo es en el extremo 5', teniendo un color representativo en cada grupo de STR; existiendo seis colores que marcan a los STRs y son: el para el color azul se tiene el fluorócromo 6-FAM, para el color amarillo el fluorócromo el NED, el color verde, el fluorócromo el VIC, para el color rojo el fluorócromo TAZ, LIZ para el color naranja, el fluorócromo SID para el color morado; los fluorócromos emiten una fluorescencia a diferentes longitudes de onda, separándose en el proceso en diferentes colores de diferentes componentes espectrales, así se puede evidenciar que los Kits comerciales están compuestos por: Una mezcla de primers con fluorócromos, mezcla de buffer de PCR que contiene ADN polimerasa, para cada uno de los marcadores, size standard, ladder alélico, es una mezcla artificial de alelos en la población y sirve como especie de regla alélica para cada STR), ADN control positivo, se utiliza en cada amplificación permitiendo un control del reactivo y un adecuado funcionamiento (Delgado y Neyra, 2019)

La concentración de ADN es necesario para obtener un perfil genético completo, relativamente se requería una muestra relativamente grande de sangre o semen, del tamaño aproximado de una moneda de un céntimo de euro, para generar un perfil de ADN. Sin embargo, en la actualidad, es posible generar un perfil con tan solo 50 pico gramos de ADN, lo cual equivale aproximadamente a ocho células humanas (Carracedo et al., 2019). Comprender el proceso de degradación del ADN es fundamental para un análisis forense preciso y fiable, ya que las muestras de ADN degradado suelen presentar dificultades para su correcta identificación y elaboración de perfiles, existen factores tanto intrínsecos como extrínsecos, El ADN sufre modificaciones químicas continuas, incluso en las condiciones más favorables. Se cree que está fuertemente influenciado por el entorno, y que diversos factores ambientales desempeñan un papel crucial como el pH, temperatura, humedad, actividad microbiana y otros (Bhoyar, et al., 2024).

Según Rosana (2019) el número de contribuyentes en una muestra, está dado por el número de alelos presentes en un marcador, es decir una persona por marcador posee un alelo o dos como máximo y si se observa más de 3 alelos en diferentes marcadores, se interpreta que en esa muestra hay presencia de más de un contribuyente. Los STR del Cromosoma Y, identifican solo el componente masculino cuando se obtiene una mezclas, sin la necesidad de utilizar los protocolos de diferenciación de células femeninas y masculinas, siendo útiles en los casos de violencia sexual, permitiendo poder identificar el ADN masculino en las mezclas

de los diferentes fluidos corporales o en las diferentes evidencias recolectadas, pudiendo identificar uno o más individuos , lo que nos permitiría determinar el número de individuos portantes en la mezcla (Romero, 2022).

Según, Valderrama (2021), El delito es una valoración de la conducta humana condicionada por el criterio ético predominante de la sociedad, en donde la conducta humana infringe las leyes establecidas con penas, siendo el delito con mayor incidencia el delito sexual, como es de conocimiento general, el abuso sexual no solo lo comente las personas que no tienen ningún vínculo con la familia sino también aquellas personas con las que vivimos día a día, mayormente los agresores sexuales son aquellos miembros masculinos con los que la víctima convive, y que con frecuencia es intimida o amenazada con algún objeto, provocando en ella el temor y aterrorizándola con la finalidad que esta no lo delate. La modernización del proceso penal conlleva la integración de herramientas tecnológicas como el ADN orientadas a reforzar la investigación del delito, lo que permite una administración de justicia penal más eficiente, dinámica y alineada con las exigencias del contexto actual (Delgado, 2025).

La violencia sexual presenta una manifestación muy específica pero no aisladas de las otras formas de violencia donde hacen sinergismo las distintas naturalezas de violencia, como la violencia física, la violencia psíquica, las privaciones o el descuido y sobre todo la muy conocida violencia sexual (Papillon et al., 2015). Según Villanueva et al. (2014) las violaciones sexual más frecuentes, están dadas a menores las cuales se incrementan día a día, sin que las autoridades ni las leyes quienes son responsables de su cumplimiento, puedan aminorar y/o eliminar dichos delitos. El grupo poblacional más afectado son las mujeres en sus diferentes grupos etarios, siendo la mayor crudeza en la comisión del delito las victimas que son menores de edad, quedándoles secuelas y traumas psicológicos que les afectara a lo largo de su vida. Los trastornos de una violación sexual comprometen seriamente el sano desarrollo psicoemocional del infante o adolescente, quienes sufren trastornos adaptativos ansiosos y repercusiones que van desde la pérdida de su autoestima, miedo intenso que va acompañado en muchos casos de rabia y llanto, inadecuado rendimiento escolar, desorientación, disminución en la concentración , trastornos depresivos con consecuencias graves que a largo plazo llevan a la drogadicción, situación de calle explotación sexual comercial infantil y delincuencia, entre otras.

La preservación y las diversas técnicas para la recolección y el análisis del ADN son de mucha importancia en el campo forense, ya que permite la conservación de las evidencias

biológicas, con la finalidad que el material genético no sufra ninguna pérdida con el pasar del tiempo u otros factores y que sirvan de material probatorio en un determinado juicio ya que el análisis de un perfil genético es verificable, lo cual genera confianza, autenticidad y certeza, es de importancia y utilidad para resolver asuntos judiciales como delitos de agresiones sexuales identificando a la víctima y victimario de un determinado delito (Martínez, 1988). Los indicios que posiblemente contengas fluidos biológicos que mayormente se encuentran presentes en una escena de delito de agresión sexual pueden ser sangre, semen, sabanas, prendas de vestir, pelos, prenda interior, trusa, saliva, preservativos, papel higiénico, orina, fluidos en el cuerpo de la víctima y piel estas muestras pueden pertenecer al victimario o a la víctima o a algún otro presunto sospechoso de cometer el ilícito (Martínez, 1988).

La cuantificación del ADN, determina la cantidad de ADN presente en la muestra forense, y si este es amplificable, presenta inhibidores coextraidos, esta degradado, presenta mínima cantidad de ADN o una mezcla de todos estos factores, por lo tanto es importante realizar esta etapa ya que nos muestra tanto la concentración de ADN humano total y concentración de ADN masculino así como la calidad del ADN que se encuentra presente en la muestra extraída, brindando información sobre la pureza del ADN con la finalidad de tener una buena amplificación. (Butler, 2011).

Por lo mencionado, el estudio se basa en encontrar evidencias del uso del cromosoma sexual Y en delitos de violación sexual que sirvan en la investigación criminal, permitiendo brindar un mayor peso a los hechos facticos del fiscal al momento de imputar a un sospechoso y de esta manera lograr resolver el caso con resultados confiables accediendo la victima a una pronta justicia, descongestionando de esta manera el sistema de justicia en la resolución de casos de violaciones sexuales en mujeres del Perú. Para lo cual se planteó el objetivo general: Establecer cómo el análisis del cromosoma sexual Y está relacionado a casos de violación sexual en mujeres del Perú, durante los años 2018 al 2022, y los objetivos Específicos

- ✓ Determinar de qué manera el perfil genético del cromosoma sexual Y afectado por inhibidores de la PCR está relacionado al soporte de la muestra en casos de violación sexual en mujeres del Perú.
- ✓ Determinar de qué manera el perfil genético degradado del cromosoma sexual Y está relacionado a la conservación de la muestra en casos de violación sexual en mujeres del Perú.
- ✓ Establecer cómo el perfil genético de acuerdo al número de alelos se relaciona con la cuantificación de la muestra en casos de violación sexual en mujeres del Perú.

- ✓ Identificar cómo el número de alelos por marcador se relaciona con el tipo de soporte en delitos de violación sexual en casos de violación sexual en mujeres del Perú.

II. METODOLOGÍA

2.1 Tipo de estudio

El tipo de Investigación es aplicada, porque utiliza los conocimientos adquiridos para aplicarlos, dando como resultado una forma organizada, rigurosa y sistemática de conocer la realidad (Vargas, 2009). El método de la investigación es Hipotético Deductivo; por ser una investigación que plantea hipótesis en base a los datos disponibles, luego aplica la deducción para llegar a una conclusión (Puebla, 2010), generan hipótesis para evaluar si se cumple o no el objetivo que se ha planteado.

2.2 Enfoque de la Investigación

El estudio sigue el enfoque cuantitativo porque se recolectan los datos para probar hipótesis con base en la medición numérica y el análisis estadístico (Hernández-Sampieri et al., 2013). Según Vega et al. (2014) el enfoque cuantitativo, recolecta y utiliza herramientas de análisis de datos matemáticos, estadísticos para establecer con exactitud, patrones de comportamiento en la población.

2.3 Diseño de la investigación

La presente investigación tiene un diseño no experimental, porque los fenómenos bajo estudio se observaron en su entorno natural y en un contexto real sin la generación intencional de situaciones deliberadas, por lo cual, la variable independiente no fue manipulada, debido a que tanto los hechos delictivos como sus consecuencias ya habían ocurrido (Hernández-Sampieri et al., 2023). Es de corte transversal porque se recolectaron los datos en un tiempo y momento único. Asimismo, el alcance de la investigación es de tipo asociativo, porque su alcance se limita a determinar de manera cuantitativa la existencia de una relación de dependencia o contingencia estadística entre las variables estudiadas.

2.4 Población, muestra y muestreo

Población: Estuvo conformada por la totalidad de los informes periciales de ADN de mujeres víctimas de violación sexual de los años 2018 al 2022, registrando un universo de

169 informes periciales, de acuerdo a López (2004) la población "es el conjunto de personas u objetos de los que se desea conocer algo en una investigación" (p. 69).

Los criterios de inclusión fueron:

- Informes Periciales que estén inmersos los STRs del Cromosoma Sexual Y en casos tipificados como delitos de violación sexual.
- Informes periciales de ADN de mujeres de 13 a 50 años.
- Informes periciales de ADN que tengan el reporte de cuantificación de ADN
- Informes periciales de ADN que tengan perennización fotográfica y cadena de custodia.
- Informe pericial de ADN con informe biológico forense previo.
- Informe pericial en los cuales se haya procesado la muestra en el Laboratorio para la obtención de los STRs del Cromosoma Sexual Y.

Los criterios de Exclusión fueron:

- Informes Periciales de ADN de mujeres víctimas de violación que no sean del Perú
- Informes periciales de ADN en los cuales este tipificado otro delito que no sea Violación Sexual.
- Informes periciales de ADN que no tengan el reporte de cuantificación de ADN
- Informes periciales de ADN que no tengan perennización fotográfica y cadena de custodia.
- Informe pericial de ADN que no tengan informe biológico forense previo.
- Informes Periciales que hayan sido solicitados por personas naturales y no por la Autoridad respectiva (Fiscales- Jueces)
- Informes Periciales en los cuales este tipificado la violación sexual a un individuo masculino.

Muestra: de acuerdo a Carrasco (2006) la muestra "es una parte o fragmento representativo de la población, cuyas características esenciales son las de ser objetiva y reflejo fiel de ella, de tal manera que los resultados obtenidos en la muestra puedan generalizarse a todos los elementos que conforman dicha población". (p.237). Para determinar el tamaño de la muestra se aplicó la fórmula estadística para poblaciones finitas; se fijó un nivel de confianza del 95% ($Z = 1.96$), un margen de error admisible del 5% ($e = 0.05$) y la máxima variabilidad debido a la falta de antecedentes ($p = 0.5$); ($q = 0.5$). El cálculo matemático determinó un tamaño de muestra representativo de ($n = 109$) informes periciales.

Muestreo: Según Pineda et al. (1994). "Muestreo se refiere al procedimiento que se empleara para seleccionar y extraer un porcentaje del universo o población de estudio con la finalidad de que represente al total. Si bien es cierto que cualquier subgrupo de una población constituye una muestra, no todos son representativos de ella, y tampoco tienen la misma probabilidad de ser escogidos".

Se empleó un muestreo probabilístico aleatorio simple (MAS). Este método garantiza que cada uno de los 169 informes periciales de la población tuviera exactamente la misma probabilidad teórica de ser seleccionado para la evaluación; el procedimiento de extracción se ejecutó sistemáticamente con ayuda del software STATS v2.0 mediante las siguientes fases:

1. **Unidad de Muestreo**: Se definió como unidad de muestreo cada informe pericial individual. Desde la ventana Random number generator del software se insertó el número de muestra (109), considerándose un límite mínimo 1 y un límite máximo de 169, se seleccionó random y se procede a ejecutar la selección de las muestras.
2. **Selección de Unidades**: El software arrojo el resultado emitiendo un listado que se exporto al Excel.

2.5 Variables.

Variables	Definición conceptual	Definición operacional	Dimensiones	Indicadores	Escala de medición	Escala de medición
Cromosoma Sexual Y	El Cromosoma Y es el más pequeño del genoma humano, contiene cerca de 60 millones de pares de bases y tiene un menor número de genes comparado con cualquier otro cromosoma (Pérez, 2010)	Los STRs del Cromosoma Y son utilizados para la identificación de individuos de género masculino en diversos casos criminales. Actualmente se pueden encontrar en bases de datos genómicas centenares de STRs de cromosoma Y usados por la mayoría de laboratorios forenses para resolver ciertos casos de paternidad difíciles y especialmente casos criminales con mezcla de ADN masculino y femenino como en las violaciones sexuales.	Perfil genético del cromosoma sexual Y	Perfil genético mínimo	Ordinal	1 =≤ 8 marcadores 2 = 8 a 12 marcadores 3 = 12 a 16 marcadores 4 = 17 a 20 marcadores
				Perfil genético máximo	Ordinal	1 =≤ 20 marcadores 2= 21 a 23 marcadores 3= 24 a 25 marcadores 4= 26 a 27 marcadores
				Tamaño del alelo	Ordinal	1= Mayor a 100 RFU 2= 50 a 99 RFU 3= Menor a 50 RFU
				Perfil genético degradado	Ordinal	1= Degradado 2= No degradado
				Perfil genético afectado por inhibidores de PCR	Ordinal	1= perfil completo 2= perfil incompleto
			Contribuyentes	Número de alelos por marcador sin DYS385 a/b y DYF387S1		1 = 0 alelo por marcador 2= 1 alelo por marcador 3 = 2 alelos por marcador 4 = más de 3 alelos por marcador

				Número de alelos en marcador DYS385 a/b	Ordinal	1 = 0 alelo por marcador 2= 1 a 2 alelos por marcador 3 = 3 alelos por marcador 4 = 4 o más alelos por marcador
				Número de alelos en marcador DYF387S1	Ordinal	1 = 0 alelo por marcador 2= 1 a 2 alelos por marcador 3 = 3 alelos por marcador 4 = 4 o más alelos por marcador
				Coincidencias de haplotipo en data mundial	Ordinal	1 = 0 coincidencia 2= 1 coincidencia 3 = 2 coincidencias 4 = 3 o más coincidencias
				Coincidencias de haplotipo en data nacional	Ordinal	1 = 0 coincidencia 2= 1 coincidencia 3 = 2 coincidencias 4 = 3 o más coincidencias
Violación sexual	La violencia sexual es todo acto de coacción en contra de la voluntad de otra persona, teniendo en cuenta que la persona no da su consentimiento o cuando la persona no puede dar dicho consentimiento por ser un menor de edad o tiene algún tipo de discapacidad mental o tiene alguna condición como estar inconsciente ya sea por el consumo de drogas o de alcohol. (ONU, 2022)	Son actos producidos sin el consentimiento de la víctima, el agresor al entrar en contacto deja secreciones biológicos en el cuerpo de su víctima, por ello es importante determinar la conservación de las muestras recogidas, localización en el cuerpo de la víctima, tipo de muestra, soporte que lo contiene, cantidad de ADN extraído; así como edad y grado de parentesco, que según su escala Valorativa se obtendrá puntuaciones que ayudaran a lograr los objetivos del estudio	Condición de la víctima	Procedencia de la victima	Ordinal	1= Norte del Perú 2 = Centro del Perú 3 = Sur del Perú
				Edad de la victima	Ordinal	1= ≤ 11 años 1 = 12 a 17 años 2 = 18 a 22 años 3 = 23 a 27 años 4 = 28 a 32 años 5= 33 años a +
				Grado de consanguinidad con el sospechoso	Ordinal	1= 0 grado 2= primer grado 3= segundo grado 4= tercer grado 5= cuarto grado

	Condición de la muestra	Localización de la muestra respecto al cuerpo de la victima	Nominal	1= Anal 2 = Vaginal 3 = Vulvar 4 = cabeza 5 = extremidades
		Conservación de la muestra	Nominal	1 = Buena 2 = Mala 2 = Regular
		Tipo de soporte con Muestra	Nominal	1= Hisopos 2= Laminas 3= Prendas 4 = Ropa Interior 5= Zapatos 6 = Ropa de Cama 7 = otros
		Tipo de secreción	Nominal	1 = sangre 2 = saliva 3 = orina 4 = semen
		Muestra de referencia de la agraviada	Nominal	1= presenta 2 = no presenta
		Cuantificación del Cromosoma Sexual Y (ng)	Nominal	1 = ≤ 0.3 2 = 0.5-0.8 3 = 0.9-1.2 4 = 1.3-1.6 5= 1.7-2 6= 2.1 a +
		Cadena de custodia	Nominal	1= presenta 2 = no presenta

2.6 Procedimientos.

Instrumento: Se utilizó como instrumento fichas de capturas de datos las cuales recopilaron los datos para analizar el cromosoma sexual Y (Variable 1) y la aplicación en casos de violaciones sexuales (variable 2) en mujeres peruanas. Todo Instrumento de recolección de datos del tipo cuantitativo requiere de tres grandes requisitos como son: validez, confiabilidad y la objetividad (Hernández y Torres, 2018). Se procedió a recolectar los datos a partir de expedientes de los años 2018 al 2022, tomando en cuenta las dimensiones con sus respectivos indicadores y sus escalas valorativas o de medida, una vez recopilada la información se procedió a desarrollar cuadros estadísticos, promedios, gráficos ilustrativos y procesamiento general de los datos con la finalidad de comprobar la hipótesis y llegar a una conclusión.

Validación: La validación del instrumento se realizó mediante el juicio de cinco expertos en Genética Forense y Metodología. Los evaluadores seleccionados fueron los biólogos Edgardo Delgado Ramos, José Luis Canales Guillén, Lenin Arturo Zúñiga Lara, Freddy Evan Urbina Laime y Gaudhy Sujhey Chávez Pasco; todos ellos con el grado de magíster y experiencia consolidada en sus respectivas especialidades. A través de correo electrónico y WhatsApp, se envió la carta de presentación junto con la matriz de operacionalización y las fichas de evaluación. La idea era que los profesionales pudieran revisar la pertinencia, relevancia y claridad de cada ítem, para así darle solidez teórica al análisis del cromosoma Y en los casos de violación sexual investigados en Perú entre 2018 y 2022. Para validar el contenido usé el coeficiente V de Aiken, y el resultado fue 1.00, es decir, por unanimidad el resultado confirma que todos los ítems propuestos son relevantes y reflejan de forma precisa las variables y dimensiones que se plantearon en el marco teórico.

Confiabilidad y Análisis de Ítems: Se comprobó empíricamente con un estudio piloto de 20 informes periciales. Al revisar la consistencia interna con el Alfa de Cronbach, salieron valores de 0.78 para la Variable 1 y 0.82 para la Variable 2. Como ambos superan el umbral metodológico de 0.70, se puede decir que el instrumento tiene buena estabilidad métrica, homogeneidad interna y objetividad, así que queda listo para aplicarse de forma definitiva en la muestra general del estudio.

Plan de Procesamiento y análisis de datos: Organicé el procesamiento y análisis de los datos con controles metodológicos bien definidos, para asegurarme de que toda la información sacada de los informes periciales de delitos contra la libertad sexual fuera confiable, válida y objetiva. Lo hice paso a paso, siguiendo este orden:

1. **Selección muestral**: revisé y depuré los informes periciales aplicando los criterios de inclusión y exclusión ya establecidos, apoyándome en el reporte del software STATS v2.0.
2. **Extracción de datos genéticos**: recopilé y registré la información del cromosoma Y (STR-Y).
3. **Tabulación inicial**: pasé los datos a una hoja de Excel para ordenarlos.
4. **Armado de la matriz definitiva**: construí la base de datos final, codificando las variables y dimensiones de cada ítem.
5. **Control de calidad**: revisé visual y lógicamente los datos para detectar valores atípicos o vacíos, cuidando que la matriz quedara íntegra.
6. **Análisis estadístico inferencial**: usé IBM SPSS para correr pruebas no paramétricas (como Chi-cuadrado y otras propias de la genética forense) y así contrastar las hipótesis.
7. **Representación estadística**: armé tablas de frecuencias, gráficos de sectores y porcentajes para mostrar los resultados de forma más visual.
8. **Sustentación científica**: con todo eso, estructuré el capítulo de resultados y la discusión, comparando lo encontrado con la literatura científica previa.

2.7 Aspectos Éticos

La investigación está de acuerdo con las disposiciones vigentes del Comité de ética de la Universidad Particular Norbert Wiener quienes tienen por finalidad la protección de los derechos a la vida, salud, dignidad y los principios fundamentales que se tomaran en cuenta será la protección y respeto de los intervinientes y diversidad sociocultural, la divulgación responsable de la investigación, la honestidad e integridad.

Asimismo, se tomó en cuenta las disposiciones establecidas por el Comité de ética del Instituto de Medicina Legal y Ciencias Forenses de Lima, por lo que se procederá a la recolección de la información de los Perfiles Genéticos de los STRs del Cromosoma Sexual Y de casos que estén inmersos en delitos de violaciones sexuales de mujeres

peruanas que fueron trabajados en la Unidad de Biología Molecular y de Genética , muestras a las cuales no se utilizara los nombre de las personas involucradas ni ningún otro datos comprometedor que pueda identificar a la persona o relacionarla con las muestras.

No se utilizó el formato de consentimiento informado ya que no se procederá a tomas de muestras de ningún individuo, la investigación será netamente mediante la revisión de los diferentes expedientes que estén relacionados con casos de delitos de violaciones sexuales en mujeres peruanas entre los años 2018 al 2022

2.8 Hipótesis de investigación

Hipótesis general

H_0 (general): No existe relación significativa entre el análisis del cromosoma sexual Y y los casos de violación sexual en mujeres del Perú, durante el periodo 2018 al 2022.

Hi (general): Existe relación significativa entre el análisis del cromosoma sexual Y y los casos de violación sexual en mujeres del Perú, durante el periodo 2018 al 2022.

Hipótesis especificas

Hipótesis específica 1: Soporte de la muestra y perfil genético afectado por inhibidores de la PCR.

H_0: No existe relación significativa entre el perfil genético del cromosoma sexual Y afectado por inhibidores de la PCR y el tipo de soporte de la muestra en casos de violación sexual en mujeres del Perú.

Hi: Existe relación significativa entre el perfil genético del cromosoma sexual Y afectado por inhibidores de la PCR y el tipo de soporte de la muestra en casos de violación sexual en mujeres del Perú.

Hipótesis específica 2: Conservación de la muestra y perfil genético degradado

H_0: No existe relación significativa entre el perfil genético degradado del cromosoma sexual Y y la conservación de la muestra en casos de violación sexual en mujeres del Perú.

Hi: Existe relación significativa entre el perfil genético degradado del cromosoma sexual Y y la conservación de la muestra en casos de violación sexual en mujeres del Perú.

Hipótesis específica 3: Número de alelos y cuantificación de la muestra

H_0: No existe relación significativa entre el perfil genético según el número de alelos y la cuantificación de la muestra en casos de violación sexual en mujeres del Perú.

Hi: Existe relación significativa entre el perfil genético según el número de alelos y la cuantificación de la muestra en casos de violación sexual en mujeres del Perú.

Hipótesis específica 4: Tipo de soporte y número de alelos por marcador

H_0: No existe relación significativa entre el número de alelos por marcador y el tipo de soporte de la muestra en casos de violación sexual en mujeres del Perú.

Hi: Existe relación significativa entre el número de alelos por marcador y el tipo de soporte de la muestra en casos de violación sexual en mujeres del Perú.

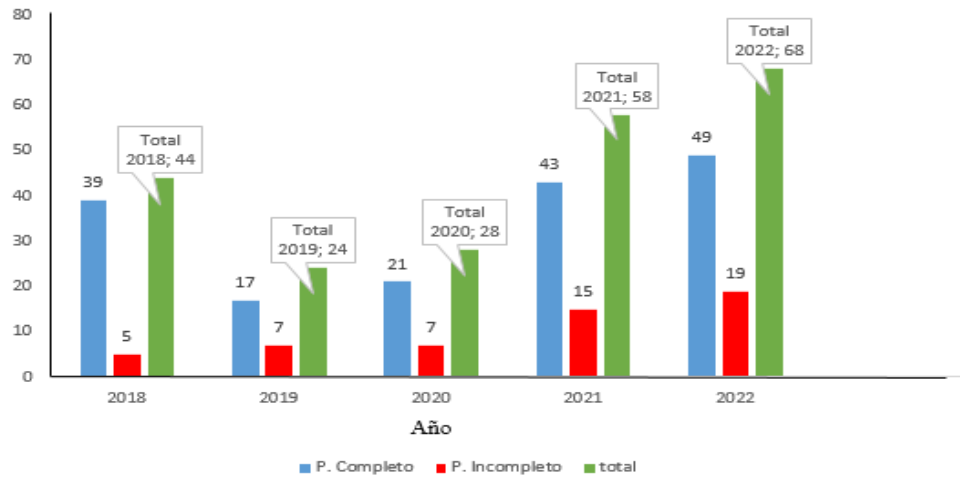
III. RESULTADOS

Los datos extraídos de la investigación se estructuraron a partir de una muestra de 109 informes periciales en delitos de violación sexual que contengan los STRS del cromosoma sexual Y, los cuales aportaron un consolidado de 222 muestras para el análisis estadístico del cromosoma Y. Esta diferencia numérica responde a la presencia de múltiples indicios biológicos levantados por caso. Por tal motivo, cada indicio se codificó y procesó en el software IBM SPSS como un evento genético independiente, cuyos resultados se exponen detalladamente en las siguientes secciones.

Análisis descriptivo de resultados

Gráfico **1.**

Perfiles Genéticos de Haplotipos del Cromosoma Sexual Y por año



Descripción: El gráfico muestra que los perfiles genéticos analizados fueron subiendo poco a poco entre 2018 y 2022, pasando de 44 a 68. En todos los años predominan los perfiles completos, algo que habla bien de la calidad de las muestras. Aun así, los incompletos también aumentan, sobre todo desde el 2021, y eso podría estar relacionado con un mayor volumen de casos o con evidencias que estuvieron expuestas a condiciones que favorecen la degradación. También se nota una caída entre 2019 y 2020, probablemente por el efecto del COVID, seguida de un repunte bastante marcado a partir del 2021. Esto podría estar reflejando una mejora en la capacidad operativa o, simplemente, un incremento en la demanda de pericias.

Tabla 1

Número de Contribuyentes por su procedencia

				Contribuyentes							
				01 contribuyente		02 contribuyentes		03 contribuyentes		04 contribuyentes		Total	
				n	%	n	%	n	%	n	%	n	%
Año	2018	Procedencia	Norte	6	5,5%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	6	5,5%
			Centro	2	1,8%	1	0,9%	0	0,0%	0	0,0%	3	2,8%
			Sur	12	11,0%	1	0,9%	3	2,8%	0	0,0%	16	14,7%
			Total	20	18,3%	2	1,8%	3	2,8%	0	0,0%	25	22,9%
	2019	Procedencia	Norte	1	0,9%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	1	0,9%
			Centro	4	3,7%	1	0,9%	1	0,9%	0	0,0%	6	5,5%
			Sur	4	3,7%	0	0,0%	1	0,9%	1	0,9%	6	5,5%
			Total	9	8,3%	1	0,9%	2	1,8%	1	0,9%	13	11,9%
	2020	Procedencia	Norte	1	0,9%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	1	0,9%
			Centro	3	2,8%	1	0,9%	0	0,0%	0	0,0%	4	3,7%
			Sur	9	8,3%	2	1,8%	0	0,0%	0	0,0%	11	10,1%
			Total	13	11,9%	3	2,8%	0	0,0%	0	0,0%	16	14,7%
	2021	Procedencia	Norte	3	2,8%	0	0,0%	1	0,9%	0	0,0%	4	3,7%
			Centro	6	5,5%	1	0,9%	1	0,9%	0	0,0%	8	7,3%
			Sur	4	3,7%	2	1,8%	1	0,9%	1	0,9%	8	7,3%
			Total	13	11,9%	3	2,8%	3	2,8%	1	0,9%	20	18,3%
	2022	Procedencia	Norte	4	3,7%	1	0,9%	0	0,0%	0	0,0%	5	4,6%
			Centro	10	9,2%	1	0,9%	1	0,9%	1	0,9%	13	11,9%

		Sur	15	13,8%	1	0,9%	1	0,9%	0	0,0%	17	15,6%
		Total	29	26,6%	3	2,8%	2	1,8%	1	0,9%	35	32,1%
Total	Procedencia	Norte	15	13,8%	1	0,9%	1	0,9%	0	0,0%	17	15,6%
		Centro	25	22,9%	5	4,6%	3	2,8%	1	0,9%	34	31,2%
		Sur	44	40,4%	6	5,5%	6	5,5%	2	1,8%	58	53,2%
		Total	84	77,1%	12	11,0%	10	9,2%	3	2,8%	109	100,0%

Descripción: La tabla muestra cómo se distribuyeron los contribuyentes por región y número de aportantes entre 2018 y 2022. El Sur se lleva la mayor parte (58 casos), después está el Centro (34) y por último el Norte (17). La mayoría de los casos tiene un solo contribuyente (84 de 109), así que los perfiles individuales son los que predominan, mientras que los casos con varios contribuyentes aparecen con menos frecuencia. También hay variación de un año a otro, con un aumento notorio en 2022, especialmente en Centro y Sur. Esto podría estar indicando más actividad en esas zonas o muestras con mayor complejidad analítica.

Análisis inferencial de los datos

Contrastación de hipótesis

Hipótesis general: Existe una relación significativa entre el análisis del cromosoma Y y los casos de violación sexual en mujeres peruanas durante el periodo 2018-2022.

Tabla 6

Síntesis de la contrastación de las hipótesis específicas para la prueba de la hipótesis general.

Hipótesis específica	Relación evaluada	Estadístico	Valor	gl	p-valor	Decisión
H1	Tipo de soporte y Perfil genético afectado por inhibidores de la PCR	χ^2 de Pearson	11,977	5	0,035	Se rechaza H_0
H2	Conservación de la muestra y Perfil genético degradado	Prueba exacta de Fisher	—	1	0,000	Se rechaza H_0
H3	Número de alelos y Cuantificación de la muestra	Asociación lineal por lineal	13,873	1	0,001	Se rechaza H_0
H4	Tipo de soporte y Número de alelos por marcador	Razón de verosimilitud (G^2)	27,012	15	0,029	Se rechaza H_0
General	**Análisis del cromosoma sexual Y y Casos de violación sexual en mujeres del Perú**	**Prueba combinada de Fisher**	**46,022**	**8**	**0,0000002**	**Se rechaza H_0**

Nota: n = 222 muestras analizadas provenientes de 109 informes periciales. El estadístico combinado de Fisher sintetiza los cuatro p-valores específicos mediante χ^2combinado = $-2\sum\ln(p_i)$, con gl = 2k (k = 4 hipótesis específicas). Nivel de significancia $\alpha = 0,05$.

Estadístico combinado de Fisher (χ^2) = 46,022

Grados de libertad = 8

p-valor combinado = 0,00000024 ($\approx 2{,}4 \times 10^{-7}$)

Descripción: Dado que las cuatro hipótesis específicas evidenciaron asociación estadísticamente significativa ($p < 0{,}05$) entre las dimensiones del cromosoma sexual Y y las condiciones de la muestra pericial. La síntesis mediante la prueba combinada de Fisher confirma significancia global ($\chi^2 = 46{,}022$; gl = 8; $p < 0{,}001$), muy por debajo del umbral de 0,05. En consecuencia, se rechaza la hipótesis nula general y se concluye que existe relación estadísticamente significativa entre el análisis del cromosoma sexual Y y los casos de violación sexual en mujeres del Perú, durante el periodo 2018 al 2022.

Hipótesis especifica 1: Existe relación significativa entre el perfil genético del cromosoma sexual Y afectado por inhibidores de la PCR y el soporte de la muestra en casos de violación sexual en mujeres del Perú.

Tabla 2

Asociación entre tipo de soporte con muestra y perfil genético afectado por inhibidores de la PCR

	Perfil Genético afectado por inhibidores de la PCR	Completo		Incompleto		Total	
		f	%	f	%	f	%
Tipo de soporte con muestra	Hisopo	98	44.1	19	8.6	117	52.7
	Laminas	25	11.3	14	6.3	39	17.6
	Prendas	19	8.6	6	2.7	25	11.3
	Ropa interior	20	9.0	9	4.1	29	13.1
	Ropa de cama	4	1.8	1	0.5	5	2.3
	Otros	3	1.4	4	1.8	7	3.2
	Total	169	76.1	53	23.9	222	100

Nota: Estadístico $x^2 = 11{,}977$ p valor = 0.035, grados de libertad = 5, % esperados < 5 =25%, C=0.226

Descripción: Del total de tipo de soporte con muestra, los hisopos concentran la mayor proporción de perfiles completos (n = 117, 52.7%), en su mayoría presentan el perfil genético completo (n = 98; 44.1%), por el contrario, en menor proporción presentan un perfil incompleto (n = 19; 8.6%). En segundo lugar, las láminas representan el (n = 39; 17.6%), donde también prevalece el perfil completo (n = 25; 11.3%), y en menor cantidad aquellos con el perfil incompleto (n = 14;

9.3%). En menor cantidad se distribuye entre prendas y otros donde se evidencia cierta asociación con el perfil completo. Dichos hallazgos descriptivos sugieren cierta dependencia el tipo de soporte con la obtención del perfil.

Asimismo, la hipótesis nula de independencia entre tipo de soporte y perfil genético afectado por inhibidores de la PCR fue evaluada mediante la prueba chi-cuadrado de Pearson, obteniéndose un estadístico $\chi^2 = 11{,}977$ p valor = 0.035, grados de libertad = 5, % esperados < 5 =25%, al presentar recuentos esperados dentro de lo aceptable se utiliza esta técnica, Esto indica que la distribución observada de los casos no se ajusta a la distribución esperada si las variables fueran independientes, sugiriendo la existencia de una asociación estadísticamente significativa entre las variables analizadas, con la finalidad de estimar la magnitud de dicha asociación se calcula el coeficiente de contingencia donde para un nivel de significancia de 0.05 se obtiene un p valor de 0.03 para una contingencia de 0.226 lo que indica asociación débil. Finalmente se concluye en rechazar la hipótesis nula, concluyéndose que ambas variables presentan una asociación relevante para la investigación.

Hipótesis especifica 2: Existe relación significativa entre el perfil genético degradado del cromosoma sexual Y y la conservación de la muestra en casos de violación sexual en mujeres del Perú.

Tabla 3

Asociación entre perfil genético degradado y conservación de la muestra

	Perfil genético degradado	Mayor a 1: degradado		Menor a 1: no degradado		Total	
		f	%	f	%	f	%
Conservación de la muestra	Bueno	1	0.5	205	92.3	206	92.8
	Regular	4	1.8	12	5.4	16	7.2
	Total	5	2.3	217	97.7	222	100%

Nota: Estadístico $x^2 = 40{,}528$ p valor = 0.000, grados de libertad = 1, % esperados < 5 =50%, C=0.393

Descripción: Del total de la muestra con buena conservación (n = 206), las muestras en buen estado presentan mayor proporción de perfiles no degradados menor a 1 (n = 205); 92.3%), en contraste en aquellos cuyo estado de conservación es regular (n = 16), observamos una distribución menos equilibrada, donde se registra 12 casos que a pesar de la conservación regular el perfil genético es menor a 1 (5.4%) y 4 cuyo perfil es mayor a 1

(1.8%). Estos patrones descriptivos de asociación sugieren la coexistencia de un vínculo entre conservar en condiciones óptimas las muestras con el estado del perfil genético.
En el contexto de la hipótesis nula de independencia entre la conservación de la muestra y el perfil genético de la misma, esta fue evaluada mediante la prueba de chi – cuadrado de Pearson, obteniéndose x2 = 40,528, p valor = 0.000, grados de libertad = 1, % esperados < 5 =50%, al presentar un porcentaje elevados de frecuencias esperadas menores a 5, se utiliza la prueba exacta de Fisher donde para un nivel de significancia de (α = 0,05), se obtiene un p-valor inferior a 0.000, esto permite evaluar la independencia entre ambas variables categóricas sin depender de aproximaciones basadas en recuentos esperados. Asimismo, con el propósito de estimar la magnitud de dicha asociación, se calculó el coeficiente de contingencia, y se obtiene un valor de 0.393 con un p-valor inferior a 0.000, lo que indica una dependencia moderada entre ambas. Finalmente se concluye en rechazar la hipótesis nula, concluyéndose que ambas variables presentan una asociación estadísticamente significativa.

Hipótesis especifica 3: Existe relación significativa entre el perfil genético según el número de alelos y la cuantificación de la muestra en casos de violación sexual en mujeres del Perú

Tabla 4

Asociación entre número de alelos y cuantificación de la muestra

	Cuantificación	< 0.3		0.5-0.8		0.9-1.2		1.3-1.6		1.7-2		2.1 a +		Total	
		f	%	f	%	f	%	f	%	f	%	f	%	f	%
N° alelos	0 por marcador	2	0.9	1	0.5	0	0.0	0	0.0	0	0.0	0	0.0	3	1.4
	1 por marcador	28	12.6	58	26.1	30	13.5	17	7.7	5	2.3	14	6.3	152	68.5
	2 por marcador	9	4.1	16	7.2	12	5.4	8	3.6	6	2.7	6	2.7	57	25.7
	3 a + por marcador	0	0.0	0	0.0	3	1.4	3	1.4	0	0.0	4	1.8	10	4.5
	Total	39	17.6	75	33.8	45	20.3	28	12.6	11	5.0	24	10.8	222	100

Nota: Estadístico x^2 = 28,691 p valor = 0.018, grados de libertad = 15, % esperados < 5 =54.2%

Descripción: Del total de números de alelos por marcador según cuantificación del cromosoma Y, (n = 222; 100%), podemos describir lo siguiente: En la categoría que corresponde a 1 alelo por marcador, se registraron (n = 152; 68.5%), de los cuales (n = 58; 26.1%) concentra el mayor nivel de cuantificación de cromosoma Y entre 0.5 al 0.8 y en segundo lugar (n = 30; 13.5%) representan el 0.9 al 1.2, en menor proporción (n = 28; 12.6%) < a 0.3, (n = 17; 7.7%) de 1.3 a 1.6, (n = 14; 6.3%) de 2.1 a + y (n = 5; 2.3%) de 1.7 a 2. En relación a la categoría 2 alelos por marcador (n = 57; 25.7%), el (n = 16; 7.2%) agrupa cuantificación del cromosoma Y entre 0.5 – 0.8, le sigue (n = 12; 5.4%) entre 0.9 a 1.2 y finalmente (n = 9; 4.1%) < 0.3, (n = 8; 3.6%) entre 1.3 a 1.6, (n = 6; 2.7%) entre 1.7 a 2, compartiendo la misma proporción con 2.1 a +. Finalmente, las 13 muestras que equivalen al 5.9% agrupan entre 0 y 3 a + marcadores.

Ahora, en cuanto a la hipótesis nula de independencia entre el número de alelos por marcador (sin contar 385 y 387) y la cuantificación del cromosoma Y, se aplicó la prueba de chi-cuadrado de Pearson. Los resultados fueron: $x^2 = 28,691$, $p = 0.018$, $gl = 15$, con un $C = 0.338$ y un 54.2% de celdas con recuentos esperados menores a 5. Aunque el valor p sugiere significancia estadística, ese 54.2% de celdas con recuentos bajos incumple uno de los supuestos básicos de la prueba, lo que le resta confiabilidad a la interpretación de este resultado.

Por eso se optó por usar la asociación lineal por lineal, que está pensada justamente para captar tendencias en variables ordinales y funciona mejor cuando hay distribuciones heterogéneas en tablas de contingencia más grandes. Con esta prueba, los resultados sí muestran una asociación estadísticamente significativa ($\chi^2 = 13,873$; $gl = 1$; $p < 0,001$), lo que permite rechazar la hipótesis nula y concluir que hay una relación ordinal sistemática entre las variables analizadas.

Hipótesis especifica 4: Existe relación significativa entre el número de alelos por marcador y el tipo de soporte de la muestra en casos de violación sexual en mujeres del Perú

Tabla 5

Asociación entre tipo de soporte con muestra y número de alelos

Tipo de soporte con muestra	N° alelos	0 alelo por marcador		1 alelo por marcador		2 alelos por marcador		+ 3 alelos por marcador		Total	
		f	%	f	%	f	%	f	%	f	%
	Hisopo	0	0.0	82	36.9	29	13.1	6	2.7	117	52.7
	Laminas	0	0.0	27	12.2	11	5.0	1	0.5	39	17.6
	Prendas	0	0.0	16	7.2	6	2.7	3	1.4	25	11.3
	Ropa interior	1	0.5	17	7.7	11	5.0	0	0.0	29	13.1
	Ropa de cama	1	0.5	4	1.8	0	0.0	0	0.0	5	2.3
	Otros	1	0.5	6	2.7	0	0.0	0	0.0	7	3.2
	Total	3	1.4	152	68.5	57	25.7	10	4.5	222	100

Nota: Estadístico $x^2 = 36,186$ p valor = 0.002, grados de libertad = 15, % esperados < 5 =62.5%

Descripción: La distribución de casos del tipo de soporte de muestra según número de alelos por marcador sin considerar al marcador DYS385 a/b – DYF387S1 muestra la mayor proporción de casos con el 52.7% en los hisopos, de los cuales el 36.9% concentra 1 alelo por marcador, 13.1% 2 alelos por marcador y 2.7% + de 3 alelos por marcador, en segundo lugar, las láminas con el 17.6%, dentro de los cuales el 12.2% presenta 1 alelo por marcador, 5.0% 2 alelos por marcador y 0.5% + de 3 alelos por marcador, el tercer lugar lo ocupa la ropa interior con el 13.1% y se distribuye con el 0.5% para 0 alelos por marcador, 7.7% para 1 alelo por marcador, 5.0% para 2 alelos por marcador, en cuarto lugar las prendas con el 11.3% de los cuales el 7.2%presenta 1 alelo por marcador, 2.7% muestra 2 alelos por marcador y 1.4% + de 3 alelos por marcador, finalmente en menor proporción 5.5% entre ropa de cama y otros.

Para la hipótesis nula de independencia entre el tipo de soporte de la muestra y el número de alelos por marcador (sin incluir DYS385 a/b ni DYF387S1), se corrió la prueba de chi-cuadrado de Pearson, dando $x^2 = 36,186$, $p = 0.002$, $gl = 15$, con un 62.5% de celdas con recuentos esperados menores a 5. Aunque el resultado sale significativo, ese porcentaje tan alto de celdas con recuentos bajos hace que su interpretación sea más bien referencial, ya que supera lo recomendado para confiar plenamente en la prueba.

Por eso, el resultado que se toma como principal es el de la Razón de verosimilitud, que dio $G^2 = 27.012$, con 15 grados de libertad y $p = 0.029$. Como este valor está por debajo del nivel de significancia ($\alpha = 0.05$), se rechaza la hipótesis nula de independencia, lo que confirma que sí hay una asociación estadísticamente significativa entre las variables.
Se usó este estadístico justamente porque, al tener el 62.5% de las celdas con frecuencias esperadas menores a 5, la aproximación de la prueba chi-cuadrado de Pearson pierde precisión. En esos casos, la literatura sobre análisis de datos categóricos indica que los estadísticos basados en verosimilitud funcionan mejor cuando hay muchas categorías o recuentos esperados bajos, como lo señalan Agresti (2013) y Cochran (1954).

IV. DISCUSIÓN

Respecto a la hipótesis general, de acuerdo a las cuatro hipótesis específicas, evaluadas mediante pruebas de asociación (chi-cuadrado de Pearson y sus alternativas ante incumplimiento de supuestos), resultaron estadísticamente significativas, por lo que se acepta la hipótesis general de investigación: el perfil genético del cromosoma sexual Y, en sus componentes de inhibición, degradación, número de alelos y cuantificación, está relacionado con las condiciones de la muestra en casos de violación sexual en mujeres del Perú. Tal como lo señala Neyra et al. (2022) quienes destacan que la calidad de la muestra es fundamental para lograr una adecuada amplificación de los marcadores Y-STR, asimismo Bhoyar et al. (2024) indican que la degradación del ADN genera fragmentación de las cadenas, reduciendo la eficiencia de amplificación por PCR y produciendo perfiles incompletos; Butler (2005) sostiene que la correcta cuantificación permite optimizar las condiciones de amplificación, evitando tanto la subamplificación como la sobresaturación de señal; Alonso et al. (2004) destacan que la obtención de perfiles completos depende tanto de la cantidad de ADN como de las condiciones de recolección y el tipo de superficie donde se encuentra la muestra; por su parte Alaeddini (2012) explica que existen inhibidores que provienen tanto del entorno como del propio material de soporte, afectando la calidad del análisis genético.

Respecto a la hipótesis especifica 1, los resultados muestran una asociación estadísticamente significativa, entre el tipo de soporte de la muestra y la obtención de perfiles genéticos del cromosoma Y afectado por inhibidores de la PCR, lo que sugiere que ciertos materiales influyen en la presencia de inhibidores que afectan la amplificación del ADN. Este resultado

va en la misma línea de lo que plantea Butler (2011), quien señala que algunos soportes pueden contener sustancias que interfieren con la reacción de PCR. Opel et al. (2010) llegaron a algo parecido: mostraron que hasta con concentraciones bajas, la presencia de inhibidores puede bloquear la actividad del ADN polimerasa, y eso termina generando perfiles parciales o directamente fallidos. Alaeddini (2012) agrega que estos inhibidores pueden venir tanto del entorno como del propio material del soporte, afectando la calidad del análisis genético.

Zarczynska (2023), por su parte, menciona que la inhibición suele ir de la mano con la degradación y la poca cantidad de ADN, sobre todo en muestras que estuvieron mal conservadas o expuestas a radiación, ambientes acuáticos y otros factores químicos y físicos. Y Martínez (1998) resalta lo importante que es el soporte y su correcta manipulación para preservar bien el ADN.

Con todo esto, los resultados permiten rechazar la hipótesis nula y afirmar que el tipo de soporte sí influye en la inhibición del perfil genético, aunque su efecto termina siendo limitado si se compara con otros factores relacionados al manejo y conservación de la evidencia.

En cuanto a la hipótesis específica 2, los resultados muestran que hay una asociación estadísticamente significativa entre una buena conservación de la muestra y la obtención de perfiles genéticos no degradados del cromosoma Y. Esto confirma que las condiciones de preservación influyen directamente en la integridad del ADN. El hallazgo va en línea con lo que plantea Butler (2011), quien señala que la calidad del ADN depende de factores como temperatura, humedad y contaminación, elementos que pueden afectar su estabilidad molecular. Bhoyar et al. (2024) apuntan algo similar: la degradación del ADN termina fragmentando las cadenas, lo que reduce la eficiencia de la amplificación por PCR y da como resultado perfiles incompletos. Butler (2014) añade que los fragmentos más largos son los más propensos a degradarse, lo cual complica la interpretación genética. Y Larroza (2020) llega a una conclusión parecida: obtener perfiles completos depende de que la recolección, la conservación y la cantidad de ADN disponible sean adecuadas. Con toda esta evidencia, tanto empírica como teórica, se puede rechazar la hipótesis nula y confirmar que la conservación de la muestra es un factor clave en la calidad del perfil genético dentro del contexto forense.

Respecto a la hipótesis específica 3, los resultados muestran una asociación estadísticamente significativa entre el número de alelos por marcador y la cuantificación del cromosoma Y (χ^2 = 13,873; p < 0,001), lo que apunta a una relación ordinal entre la cantidad de ADN disponible y qué tan complejo termina siendo el perfil genético obtenido. Al mirar el análisis descriptivo, se ve que la categoría de un solo alelo por marcador predomina en niveles intermedios de cuantificación (0,5–0,8), lo que sugiere que concentraciones moderadas de ADN pueden limitar que se detecten todas las variantes alélicas. Esto coincide con lo que dice Butler (2011): la cuantificación del ADN es un paso crítico para saber si la amplificación va a ser viable, porque cuando hay poca cantidad puede aparecer el fenómeno del "allelic dropout", que afecta la detección de todos los alelos presentes. En la misma línea, Gill et al. (2000) explican que en muestras con baja concentración de ADN es frecuente la pérdida aleatoria de alelos durante la PCR, lo que impacta directamente en la interpretación de perfiles genéticos. Asimismo, Clayton et al. (1995) demostraron que la variabilidad en la cantidad de ADN influye en la reproducibilidad de los perfiles STR, especialmente en contextos forenses con muestras degradadas o limitadas. Por su parte, Butler (2005) sostiene que la correcta cuantificación permite optimizar las condiciones de amplificación, evitando tanto la subamplificación como la sobresaturación de señal. En concordancia, Alonso et al. (2004) destacan que la cantidad y calidad del ADN son determinantes para obtener perfiles completos y confiables, particularmente en muestras forenses complejas como las provenientes de delitos sexuales. En conjunto, estos resultados permiten rechazar la hipótesis nula y afirmar que la cuantificación del ADN influye significativamente en el número de alelos detectados, constituyendo un factor clave en la interpretación de perfiles genéticos del cromosoma Y.

En relación con la hipótesis especifica 4, los resultados evidencian una asociación estadísticamente significativa entre el tipo de soporte de la muestra y el número de alelos por marcador (G^2 = 27,012; p = 0,029), lo que indica que el medio en el que se recolecta la evidencia biológica influye en la complejidad del perfil genético obtenido. Desde el análisis descriptivo, los hisopos concentran la mayor proporción de casos con uno y dos alelos por marcador, lo que sugiere una mejor recuperación de ADN, mientras que soportes como prendas o ropa interior presentan mayor dispersión y menor rendimiento en la detección alélica. Estos hallazgos son consistentes con lo señalado por Butler (2011), quien indica que el tipo de soporte puede afectar tanto la cantidad como la calidad del ADN recuperado,

influyendo directamente en la amplificación de los STR. En la misma línea, Gill et al. (2000) explican que muestras con baja cantidad o calidad de ADN, frecuentemente asociadas a soportes no controlados, pueden generar pérdida de alelos o perfiles incompletos debido a fenómenos como el "allelic dropout". Asimismo, Alaeddini (2012) sostiene que los diferentes materiales pueden contener inhibidores o favorecer la degradación del ADN, afectando la detección de múltiples alelos en un mismo marcador. Por su parte, Alonso et al. (2004) destacan que la obtención de perfiles completos depende tanto de la cantidad de ADN como de las condiciones de recolección y el tipo de superficie donde se encuentra la muestra. De igual forma, Martínez (1998) enfatiza que los soportes biológicos influyen en la conservación del ADN y, por ende, en su capacidad de generar perfiles útiles en el ámbito forense. En conjunto, estos elementos permiten rechazar la hipótesis nula y concluir que el tipo de soporte constituye un factor relevante en la variabilidad del número de alelos detectados, lo cual tiene implicancias directas en la interpretación de perfiles genéticos en casos de violencia sexual.

V. CONCLUSIONES

- **Conclusión general**: Se determinó que existe una relación estadísticamente significativa entre el análisis del cromosoma sexual Y y los casos de violación sexual en mujeres del Perú durante el periodo 2018-2022. Esta conclusión se sustenta en que las cuatro dimensiones evaluadas del perfil genético (inhibición por PCR, degradación, número de alelos y cuantificación de ADN) presentaron asociación significativa con las condiciones de la muestra ($p < 0,05$ en los cuatro casos), síntesis confirmada mediante la prueba combinada de Fisher ($\chi^2 = 46,022$; $gl = 8$; $p < 0,001$). En conjunto, estos hallazgos evidencian que la calidad y las condiciones de recolección, conservación y soporte de la evidencia biológica constituyen factores determinantes en la obtención de perfiles genéticos útiles para la investigación criminal de este tipo de delito
- **Conclusión especifica 1:** Se determinó una relación estadísticamente significativa entre el tipo de soporte de la muestra y la presencia de inhibidores de la PCR en el perfil genético del cromosoma Y ($\chi^2 = 11,977$; $p = 0,035$), aunque de magnitud débil ($C = 0,226$). Los hisopos mostraron la mayor proporción de perfiles completos, lo que sugiere una ventaja relativa de este soporte frente a otros; no obstante, dado el bajo tamaño del efecto, la inhibición del perfil genético parece depender en mayor medida

de otros factores no controlados en este estudio, como el manejo y la conservación de la evidencia, que del tipo de soporte por sí solo

- **Conclusión especifica 2:** Se confirmó una relación estadísticamente significativa entre la conservación de la muestra y el estado del perfil genético del cromosoma Y ($\chi^2 = 40{,}528$; $p < 0{,}000$; $C = 0{,}393$), con una magnitud de asociación moderada. Las muestras conservadas en buen estado presentaron una proporción sustancialmente mayor de perfiles no degradados (92,3 %), lo que permite establecer que la conservación adecuada de la evidencia biológica es un factor determinante, aunque no exclusivo, para preservar la integridad del ADN en casos de violación sexual
- **Conclusión especifica 3:** Se comprobó una relación ordinal estadísticamente significativa entre el número de alelos por marcador y la cuantificación del cromosoma Y (asociación lineal por lineal, $\chi^2 = 13{,}873$; $p < 0{,}001$). La concentración de ADN entre 0,5 y 0,8 nanogramos concentró la mayor proporción de perfiles con un alelo por marcador, lo que sugiere que este rango constituye una referencia útil para anticipar la obtención de perfiles genéticos más completos, sin que ello implique que sea el único rango capaz de producirlos.
- **Conclusión especifica 4:** Se determinó una relación estadísticamente significativa entre el tipo de soporte de la muestra y el número de alelos por marcador (razón de verosimilitud $G^2 = 27{,}012$; $p = 0{,}029$). Los hisopos concentraron la mayor parte de los casos con uno y dos alelos detectados, lo que apunta a una recuperación de ADN más eficiente en comparación con soportes como prendas o ropa interior, donde la mayor dispersión de resultados sugiere una consistencia menor en la calidad de la evidencia recuperada.

VI. REFERENCIAS

Albarran y Fernández (2015). Problemática asociada al análisis y valoración de marcadores STR autosómicos y STR del cromosoma Y en tres casos de agresión sexual. https://www.agmf.es/az/problematica_asociada_al_analisis_y_valoracion_de_marcadores_STR_autosomicos_y_STR_del_cromosoma_Y_en_tres_casos_de_agresion_sexual._albarran_herrer.pdf

Alaeddini, R. (2012). Forensic implications of PCR inhibition—A review. Forensic Science International: Genetics, *6(3), 297–305* https://www.fsigenetics.com/article/S1872-4973(11)00179-7/abstract

Alonso, A., Martín, P., Albarrán, C., García, P., García, O., de Simón, L. F., y Vallejo, G. (2004). Real-time PCR designs to estimate nuclear and mitochondrial DNA copy number in forensic and ancient DNA studies. ISSN 0379-0738, https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2003.10.008.

Aramburú, S. (2020). Violencia contra la mujer y dependencia emocional en el centro poblado de Sacsamarca Tarma Perú [Tesis Universidad Católica Sedes Sapientiae] Repositorio digital Universidad Católica Sapientiae. https://repositorio.ucss.edu.pe/bitstream/handle/20.500.14095/812/Tesis%20%20Aramburu%c3%ba%20Sim%c3%b3n%2c%20Sonia.pdf?sequence=1&isAllowed=y

Bermejo, M. (2022). Análisis de perfiles genéticos mezcla y su aplicación en evidenciasforenses de violencia sexual de mujeres peruanas en UNBIMOG 2019-2020[Tesis demaestría. Universidad Norbert Wiener], https://repositorio.uwiener.edu.pe/handle/20.500.13053/7550?locale-attribute=es

Bhoyar, L., Mehar, P. y Chavali, K.(2024) An overview of DNA degradation and its implications in forensic caseworks. Egypt J Forensic Sci 14, 15. https://doi.org/10.1186/s41935-024-00389-y

Butler, J. M. (2011). *Advanced topics in forensic DNA typing: Methodology*. Academic Press.. **DOI:** 10.1016/C2011-0-04189-3 https://www.sciencedirect.com/book/monograph/9780123745132/advanced-topics-in-forensic-dna-typing-methodology

Butler, J.M. (2005) Forensic DNA Typing: Biology Technology and Genetics of STR Markers. 2nd Edition, Elsevier Academic Press, New York. https://www.scirp.org/reference/referencespapers?referenceid=2296930

Clayton, T. M., Whitaker, J. P., y Maguire, C. N. (1995). Identification of bodies from the scene of a mass disaster using DNA amplification of short tandem repeat (STR) loci. *Forensic Science Internationa.* ISSN 0379-0738, https://doi.org/10.1016/0379-0738(95)01787-9.

Carracedo, A. Alonso, A. Gill, P. Kayser, M. Phillips, C. Prieto, L. Schneider, P. Sydercombe Court, D. Wienroth, M. y Williams, R. (2019). *Interpretando la Genética Forense: ¿Qué puede revelar el ADN sobre el Delito?* https://senseaboutscience.org/wp-content/uploads/2019/04/SaS-ForensicGenetics-spanish-translation-WEB-spreads-13_03-amend.pdf

Costa, R., Fadoni, J., Amorim, A., & Cainé, L. (2025). Y-STR Databases-Application in Sexual Crimes. Genes, 16(5), 484. https://doi.org/10.3390/genes16050484

Dávalos, F.(2023). Creación de Banco de datos genéticos para los delitos de violación de la libertad sexual [Tesis de Maestría, Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco Escuela de Posgrado] Repositorio digital UNSAAC. http://hdl.handle.net/20.500.12918/8145

Delgado Ramos, E. (2025). La Autodeterminación Informativa y los Datos Genéticos en el Proceso Penal Peruano. Ciencia Latina Revista Científica Multidisciplinar, 9(4), 8533-8558. https://doi.org/10.37811/cl_rcm.v9i4.19434

Delgado, E., Neyra, CD. (2019) Allele frequencies of 21 autosomal STR markers in a mixed race Peruvian population applied to forensic practice. Spanish Journal of Legal Medicine. https://www.elsevier.es/es-revista-spanish-journal-legal-medicine-446-articulo-allele-frequencies-21-autosomal-str-S2445424919300275

Diaz, M., Martínez, R., Martín, J. y Falcón, L. (2021, 16 de febrero). La situación de la violencia contra las mujeres en la adolescencia en España. Delegación del Gobierno contra la violencia de genero. https://www.researchgate.net/publication/349339584

Gill, P., Whitaker, J., Flaxman, C., Brown, N., y Buckleton, J. (2000). An investigation of the rigor of interpretation rules for STRs derived from less than 100 pg of DNA. *Forensic Science International*, doi: 10.1016/s0379-0738(00)00158-4.

Góngora, E. (2023). El ADN como medio probatorio para justificar los delitos sexuales [Tesis Universidad Nacional de Chimbotazo Facultad de Ciencias Políticas y Administrativas, carrera de derecho] http://dspace.unach.edu.ec/handle/51000/11259

Gutiérrez, V. (2022). Medidas de protección en prevención de los delitos sexuales a menores de edad durante el estado de emergencia, Ayna,2021[Tesis, Universidad Cesar Vallejo]. https://repositorio.ucv.edu.pe/bitstream/handle/20.500.12692/97647/Gutierrez_YV-SD.pdf?sequence=4&isAllowed=y

Hernández-Sampieri, R, y Mendoza, C. (2018). Metodología de la investigación. Las rutas cuantitativa, cualitativa y mixta, McGRAW-HILL INTERAMERICAN EDITORES,S.A. de C.V.

https://iris.paho.org/bitstreams/bc7bd370-d768-45f7-84b3-65c91b45f799/download

Jiménez, Cisneros. (2020), La violación sexual y los sistemas de la identificación del delincuente, Perú [Tesis, Universidad autónoma del Perú], https://repositorio.autonoma.edu.pe/handle/20.500.13067/1136?show=full

Kayser et al. (1997). Evaluation of Y-chromosomal STRs: A multicenter study. International Journal of Legal Medicine, 110(3), 125–133 141-9.Köcher et al. (2018). Inter-laboratory validation study of the ForenSeq™ DNA Signature Prep Kit. Forensic Science International Genetics, 36, 77–85. https://d1wqtxts1xzle7.cloudfront.net/104712073/s00414005005120230802-1-dz0wb0-libre.pdf?1690997573=&response-content- https://doi.org/10.1007/S004140050051

Larroza, M. (2020). Análisis de perfiles genéticos en evidencias forenses https://med.unne.edu.ar/wp-content/uploads/2021/10/2021_20.pdf

Larroza, S., Martínez, M.,Giménez, Y. y Zimmermann, M. (2021) La importancia de la muestra biológica como indicio de una evidencia. Facultad de Medicina UNNE, https://med.unne.edu.ar/wp-content/uploads/2021/10/2021_20.pdf

López, J. (2021). Estructura Genética de la Población Mestiza Masculina de los Estados de Morelos y Puebla, Identificada por marcadores STRs del Cromosoma "Y" https://www.ishinews.com/genetic-structure-of-the-male-mestiza-population-of-the-state-of-puebla-identified-by-y-str-markers/#:~:text=Se%20analizaron%20las%20frecuencias%20al%C3%A9licas,no%20fueron%20contestadas%20a%20continuaci%C3%B3n.

López, P. (2004). Población Muestra y Muestreo. Scientific Electronic Library Online http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0864-34662017000400014

Martínez, P. (1998). Conservación de evidencias biológicas en genética forense. Revista Española de Medicina Legal. https://dialnet.unirioja.es/servlet/autor?codigo=748448

Ministerio de la Mujer y poblaciones vulnerables. (2023) https://www.infobae.com/peru/2023/11/05/violencia-sexual-contra-ninas-y-adolescentes-un-analisis-del-preocupante-panorama-que-viven-las-menores-en-peru/

Mondragon, C.(2021).Incremento del Delito de Violación Sexual contra Menores de edad en entornos Intrafamiliares, San Juan de Lurigancho 2020. [Tesis de Maestria,

Universidad CesarVallejo]. https://repositorio.ucv.edu.pe/bitstream/handle/20.500.12692/74592/Mondragon_PCASD.pdf?sequence=1&isAllowed=y

National Human Genome Research Institute (2026) Haplotipo. https://share.google/CNlohQIfssRdWs5cB

Neyra, CD., Robles, CS., Delgado E., Velásquez MR., Bruce Budowle (2023) Análisis de 27 marcadores STR del cromosoma Y en poblaciones de la selva del Perú. Revista Española de Medicina Legal, Volume 49, Issue 4 https://doi.org/10.1016/j.reml.2022.10.001. https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0377473222000657

Opel, K.L., Chung, D. and McCord, B.R. (2010), A Study of PCR Inhibition Mechanisms Using Real Time PCR, Journal of Forensic Sciences, 55: 25-33. https://doi.org/10.1111/j.1556-4029.2009.01245.x

Organizacion de las Naciones Unidas.(2023,17 Junio).La violencia de Genero. Centro regional de información. https://unric.org/es/la-violencia-de-genero-segun-la-onu/.

Papillon, U., Bolaños, J.y Mejia , A.(2015) Delitos contra la Libertad Sexual. Acta med, peruana vol.32.no.3 Lima jul/set.2015. http://www.scielo.org.pe/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1728-59172015000300007

Pérez, M. (2010). Estudio molecular de infertilidad masculina, Microdeleciones del Cromosoma Y. https://www.revistabioanalisis.com/images/flippingbook/Rev70/nota2.pdf

Puebla, C. (2010, 4 de setiembre). Método hipotético deductivo [curso MBE] IV curso de Medicina, Universidad de Valparaíso, Chile. https://mbeuv.files.wordpress.com/2010/09/4-metodo-hipotetico-deductivo.pdf

Romero, C (2022), Estudio de Genética poblacional: Frecuencias alelicas de marcadores STR para haplotipos de Cromosoma Y en la población ecuatoriana [Tesis Universidad Regional Amazónica Ikiam]. https://repositorio.ikiam.edu.ec/jspui/bitstream/RD_IKIAM/694/3/TT-BT-IKIAM-000035.pdf

Rosana, M. (2019) Biología Forense, Botánica, ficología, micología, entomología, taxonomía y genética aplicadas a la criminalística. Fundación Miguel Lillo – Tucumán-Argentina. https://www.lillo.org.ar/revis/opera-lilloana/2019-o1-v54.pdf

Valderrama , D.(2021, 22 Abril) . Teoría del delito: concepto, sujeto y objeto del delito. https://lpderecho.pe/teoria-delito-concepto-sujeto-objeto/

Vargas, Z. (2009). La Investigación aplicada; Una forma de conocer las realidades con evidencia científica. Revista educativa 33(1), 155,165, ISSN: 0379-7082,2009 de la Universidad de Costa Rica https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=44015082010

Velasco, D (2023-2024). El ADN como prueba pericial y su importancia en la resolución de casos delictivos. https://dspace.umh.es/bitstream/11000/33601/1/TFG.pdf

Villanueva, J., Villanueva, L., Castañeda, D. (2014). Percepción de la Población Cajamarquina sobre el Delito de Violación Sexual a menores de edad. Journals http://mail.upagu.edu.pe/files_ojs/journals/27/articles/405/submission/405-133-1438-1-2-20170228.pdf.

Villanueva, D.(2007), La utilidad y aplicación de los Haplotipos de los loci DYS19, DYS385a/b, DYS389II, DYS390, DYS392, DYS392, DYS393,DYS437, DYS438 y DYS 439 del cromosoma Y en el área forense [Tesis Universidad Nacional Autónoma de México]. https://ru.dgb.unam.mx/items/ac804551-5596-4605-bc69-004384b091f4

Wright, S., Huge, B., 2020. Capillary zone electrophoresis separation and collection of spermatozoa for the forensic analysis of sexual assault evidence. https://scholar.google.com/scholar?hl=es&as_sdt=0%2C5&q=Wright%2C+S.%2C+Huge%2C+B.%2C+2020&btnG=

Zarczynska, M., ˙Zarczynski, P., Tomsia, M. (2023) Nucleic Acids Persistence—Benefits and Limitations in Forensic Genetics. Genes, 14, 1643. https://doi.org/10.3390/ genes14081643

VII. ANEXOS

Anexo 1: Matriz de consistencia

Título: Análisis del Cromosoma Sexual Y en casos de violación sexual en mujeres del Perú, periodo 2018 al 2022

Formulación del Problema	Objetivos	Hipótesis	Variables	Diseño Metodológico
Problema general ¿De qué manera el análisis del cromosoma sexual Y está relacionado a casos de violación sexual en mujeres del Perú, durante los años 2018 al 2022?	**Objetivo general** Establecer como el análisis del cromosoma sexual Y estaría relacionado a casos de violación sexual en mujeres del Perú, durante los años 2018 al 2022.	**Hipótesis General** Existe relación significativa entre el análisis del cromosoma sexual Y y los casos de violación sexual en mujeres del Perú, durante el periodo 2018 al 2022.	**Variable 1** Cromosoma Sexual Y **Dimensiones;** Perfil genético del cromosoma sexual Y. Contribuyentes	**Tipo de Investigación** El tipo de Investigación es Aplicada **Método y diseño de Investigación** **Método**: hipotético deductivo. **Diseño**: No Experimental
Problemas específicos 1. ¿De qué manera el perfil genético del cromosoma sexual Y afectado por inhibidores de la PCR está relacionado a la conservación de la muestra en casos de violación sexual en mujeres del Perú?	**Objetivos Específicos** 1. Determinar de qué manera el perfil genético del cromosoma sexual Y afectado por inhibidores de la PCR está relacionado al soporte de la muestra en casos de violación sexual en mujeres del Perú.	**Hipótesis Especificas** 1. Existe relación significativa entre el perfil genético del cromosoma sexual Y afectado por inhibidores de la PCR y el tipo de soporte de la muestra en casos de violación sexual en mujeres del Perú		

2. ¿De qué manera el perfil genético degradado del cromosoma sexual Y está relacionado a la conservación de la muestra en casos de violación sexual en mujeres del Perú?	2. Determinar de qué manera el perfil genético degradado del cromosoma sexual Y está relacionado a la conservación de la muestra en casos de violación sexual en mujeres del Perú.	2. Existe relación significativa entre el perfil genético degradado del cromosoma sexual Y y la conservación de la muestra en casos de violación sexual en mujeres del Perú	**Variable 2** Violación Sexual **Dimensiones:** Condición de la víctima.	trasversal de tipo asociativo **Población** 169 informes periciales de ADN de los años 2018 al 2022
3. ¿Cómo el perfil genético de acuerdo al número de alelos se relaciona con la cuantificación de la muestra en casos de violación sexual en mujeres del Perú?	3. Establecer cómo el perfil genético de acuerdo al número de alelos se relaciona con la cuantificación de la muestra en casos de violación sexual en mujeres del Perú.	3. Existe relación significativa entre el perfil genético según el número de alelos y la cuantificación de la muestra en casos de violación sexual en mujeres del Perú.	Condición de la muestra	**Muestra** 109 Informes periciales
4.¿Como el número de contribuyentes por el número de alelos por marcador se relaciona con el tipo de soporte en delitos de violación sexual en casos de violación sexual en mujeres del Perú?	4. Identificar cómo el número de alelos por marcador se relaciona con el tipo de soporte en delitos de violación sexual en casos de violación sexual en mujeres del Perú.	4. Existe relación significativa entre el número de alelos por marcador y el tipo de soporte de la muestra en casos de violación sexual en mujeres del Perú.		**Muestreo** Probabilístico aleatorio simple (MAS). con ayuda del software STATS v2.0

Anexo 2: Instrumento

Análisis del Cromosoma Sexual y en casos de violación sexual en mujeres del Perú, periodo 2018-2022

Variable 1. Cromosoma Sexual Y

La ficha tiene por objetivo, capturar los datos para el análisis de los Perfiles STRs del Cromosoma Sexual Y, el cual es aplicado en casos de violaciones sexuales en mujeres del Perú periodo 2018-2022

Dimensiones 1: Perfil Genético del Cromosoma Sexual Y

	ITEM 1						
A	Perfil Genético mínimo						
1	≤ 8 marcadores	2	9 a 12 marcadores	3	13 a 16 marcadores	4	17 a 20 marcadores
	ITEM 2						
B	Perfil Genético máximo						
1	≤ 20 marcadores	2	21 a 23 marcadores	3	24 a 25 marcadores	4	26 a 27 marcadores
	ITEM 3						
C	Tamaño del alelo						
1	Mayor a 100 RFU	2	De 50 a 99 RFU	3	Menor a 50 RFU		
	ITEM 4						
D	Perfil Genético degradado: Relación entre fragmento corto y largo						
1	Mayor a 1: Degradado		2		Menor a 1: No degradado		
	ITEM 5						
E	Perfil Genético afectado por inhibidores de la PCR						
1	Menor a 1: Perfil completo		2		Mayor a 1: Perfil incompleto		

Dimensiones 2: Contribuyentes

	ITEM 7						
A	Número de alelos por marcador (sin considerar marcadores DYS385 a/b y DYF387S1)						
1	0 alelo por marcador	2	01 alelo por marcador	3	02 alelos por marcador	4	Más de tres alelos por marcador
	ITEM 8						
B	Número de alelos en marcador DYS385 a/b						
1	0 alelos	2	01 a 02 alelos	3	03 alelos	4	4 o más alelos
	ITEM 8						
C	Número de alelos en marcador DYF387S1						
1	0 alelos	2	01 a 02 alelos	3	03 alelos	4	4 o más alelos
	ITEM 10						
D	Coincidencias de haplotipo en data mundial						
1	0 coincidencia	2	01 coincidencia	3	02 coincidencias	4	03 o más coincidencias
	ITEM 11						
E	Coincidencias de haplotipo en data peruana						
1	0 coincidencia	2	01 coincidencia	3	02 coincidencias	4	03 o más coincidencias

Variable 2. Violación Sexual

La ficha tiene por objetivo, capturar los datos para el análisis de los Perfiles STRs del Cromosoma Sexual Y, el cual es aplicado en en casos de violaciones sexuales en mujeres del Peru periodo 2018-2022

Dimensiones: 1 Condiciones de la Victima

N°	ITEM 1											
A	Procedencia de la Victima											
1	Perú Norte		2		Perú Centro		3		Perú Sur			
	ITEM 2											
B	Edad de la Victima											
1	≤ 11	2	12 a 17	3	18 a 22	4	23 a 27	5	27 a 33	6	33 a +	
	ITEM 3											
C	Grado de consanguinidad con el sospechoso											
1	0 grado	2	Primer grado	3	Segundo grado	4	Tercer grado	5	Cuarto grado			

Dimensiones: 2 Condiciones de la Muestra

	ITEM 4											
A	Localización de la muestra respecto al cuerpo de la victima											
1	Anal	2	Vaginal	3	Vulvar	4	cabeza	5	extremidades			
	ITEM 5											
B	Conservación de la muestra											
1	Bueno:		2		Regular:		3		Malo			
	ITEM 6											
C	Tipo de Soporte con Muestra											
1	Hisopo	2	Laminas		3	Prendas			Ropa Inteior			
5	Zapatos	6	Ropa deCama		7	Otros						

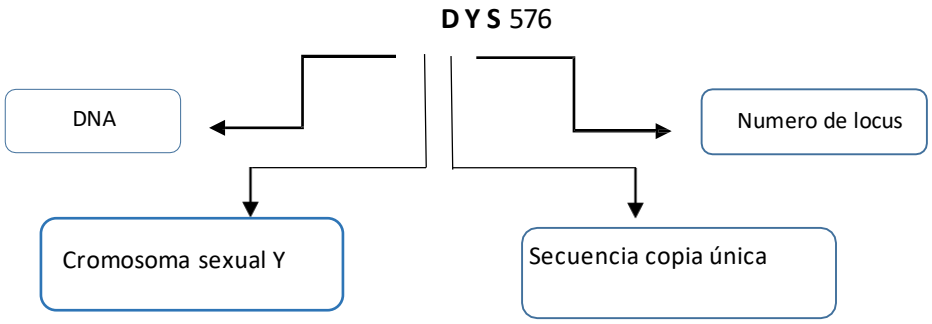
	ITEM 07											
	Tipo de secresion											
1	Sangre	2	Saliva	3	Orina	4	Semen					
	ITEM 08											
D	Muestra de referencia de la Agraviada											
1	Presente			2	Ausencia							
	ITEM 09											
E	Cuantificación del Cromosoma Sexual Y (ng)											
1	< 0.3	2	0.5-0.8	3	0.9-1.2	4	1.3-1.6	5	1.7-2	6	2.1 a +	
	ITEM 10											
F	Cadena de custodia											
1	Presenta			2	No presenta							

Anexo 3. Nomenclatura de los STRs del cromosoma sexual Y

La nomenclatura de los STR, está compuesta por las tres primeras letras, la primera letra que generalmente es una "D" que significa DNA, la siguiente letra "Y" que significa cromosoma sexual Y, la tercera letra "S" que significa secuencia copia única, al final se escribe el número del locus donde fue descrito el marcador (Butler JM, 2005), obteniéndose la denominación **D Y S 576.**

Figura 2.

Nomenclatura del marcador loci DYS576. Fuente adaptada de Butler JM (2005).



Universidad Norbert Wiener

Anexo 4. Constancia comité de ética

CONSTANCIA DE APROBACIÓN DEL PROYECTO DE INVESTIGACIÓN

Lima, 22 de octubre del 2025.

Autor Responsable:
MARIA ELENA MEDINA QUINTANILLA

Exp. Nº: 2274-2025

De mi consideración:

Es grato expresarle mi cordial saludo y a la vez informarle que el Comité Institucional de Ética e Integridad Científica (CIEIC) de la Universidad Privada Norbert Wiener evaluó y **APROBÓ** el siguiente proyecto de investigación:

Proyecto Titulado: **"Análisis del Cromosoma sexual Y en la investigación criminal de casos de violación sexual en mujeres del Perú, periodo 2018 al 2022"**
Versión Nro. 1, aprobada por el asesor en fecha 22/10/ 2025.

El cual tiene como Autor(es) a:
MARIA ELENA MEDINA QUINTANILLA

La **APROBACIÓN** otorgada comprende la verificación del cumplimiento de las buenas prácticas éticas, la adecuada evaluación del balance riesgo/beneficio, la idoneidad del equipo de investigación y la garantía de confidencialidad en el manejo de los datos, entre otros aspectos éticos y metodológicos pertinente

El investigador deberá considerar los siguientes puntos detallados a continuación:

- La aprobación otorgada por el CIEIC tiene una **vigencia de veinticuatro (24) meses** contados desde la fecha de emisión del presente documento. Esta vigencia es exclusiva para los procedimientos éticos revisados por el Comité y no sustituye ni aplica a los trámites administrativos ante la Oficina de Grados y Títulos.
- La constancia de aprobación por el CIEIC **no garantiza** la **aceptación** por parte de las **instituciones** en las que se planea realizar la investigación.
- En caso de requerir una **enmienda**, entendida como una modificación menor que **no altera de manera sustantiva** el proyecto aprobado, esta deberá ser presentada al CIEIC y no podrá ejecutarse sin su aprobación previa. **Cualquier cambio sustantivo deberá tramitarse como proyecto nuevo** ante el CIEIC.

Es cuanto informo a usted para su conocimiento y fines pertinentes.

Atentamente,

Mg. Angelica Karina Minaya Galarreta
Presidente
Comité Institucional de Ética e Integridad Científica
Universidad Privada Norbert Wiener

Anexo 5. Carta de presentación

Universidad Norbert Wiener

"Año de la recuperación y consolidación de la economía peruana"

LRQA CERTIFIED ISO 9001 UKAS MANAGEMENT SYSTEMS 0001

Lima, 5 de enero de 2026

CARTA N° 02-2026-SG-UPNW-CP

Mg. QF. Carmen Teresa Ponce Fernandez Jefe Nacional
Instituto de Medicina Legal y Ciencias Forenses
Jr. Puno 261 – Distrito: Lima – Provincia y Departamento - Lima ASUNTO:
Autorización para aplicación de estudio de campo

De mi mayor consideración:

Es grato dirigirme a usted para saludarla cordialmente y a la vez presentar a la egresada de la Maestría de Ciencia Criminalística, **MARIA ELENA MEDINA QUINTANILLA**, con código de matrícula **2022900454** con la finalidad de solicitar se brinde todas las facilidades pertinentes para que pueda aplicar los instrumentos de recolección de datos a 109 expedientes con sus Informes Periciales de ADN, de mujeres victimas de violacion sexual, los cuales corresponden a casos de criminalistica comprendido entre los años 2018-2019- 2020-2021 y 2022 que fueron procesados en la Unidad de Biologia Molecular y de Genetica del Instituto de Medicina Legal y Ciencias Forenses.

Toda la información que solicita la egresada de Maestría **MARIA ELENA MEDINA QUINTANILLA**, para la elaboración de su Trabajo Académico denominado: **"Análisis del cromosoma sexual Y en la investigación criminal de casos de violación sexual en mujeres del Perú, periodo 2018 al 2022"** dirigido por el asesor de tesis, Dr. Carlos David Neyra Rivera, para la obtención del grado académico de Maestro en Ciencia Criminalística.

Agradeciendo por anticipado su autorización a la tesista para que logre su propósito, hago propicia la ocasión para expresarle los sentimientos de mi consideración y estima personal.

Atentamente,

Firmado digitalmente por: Khristian Vigil Vega
DNI: 44025157
RUC: 20466246370
Motivo: Soy el autor del documento Fecha: 06/01/2026
Hora: 11:47:35

Universidad Norbert Wiener

Khristian Vigil Vega
Secretario General
Universidad Privada Norbert Wiener S.A.

Anexo 6. Resolución de aceptación

Resolución Jefatural

Lima, 28 de Mayo del 2026

N° 000486-2026-MP-FN-JN-IMLCF

Firma Digital

Firmado digitalmente por BRIZUELA POW SANG Francisco Ruben FAU 20131370301 soft
Jefe Nacional Del Instituto De Medicina Legal Y Ciencia
Motivo: Soy el autor del documento
Fecha: 28.05.2026 11:28:43 -05:00

VISTOS:

El informe n.° 000036-2026-MP-FN-OFGACAL, de fecha 21 de abril de 2026, emitido por la Oficina de Garantía de Calidad; y, el informe n.° 000453-2026-MP-FN-JN-IMLCF-GA-AAJ, de fecha 11 de mayo de 2026, emitido por el Área de Asesoría Jurídica, y;

CONSIDERANDO:

Firma Digital

Firmado digitalmente por PINTADO HARO Cesar FAU 20131370301 soft
Jefe De Area De Asesoria Juridica Del Iml
Motivo: Doy V° B°

Que, mediante Resolución de la Fiscalía de la Nación n.° 4513-2018-MP-FN, de fecha 14 de diciembre de 2018, se crea la Unidad Ejecutora 010: Instituto de Medicina Legal y Ciencias Forenses (IML), para su incorporación en el Presupuesto Institucional, con independencia administrativa y financiera, contando con personería jurídica que depende presupuestal y funcionalmente del Pliego 022: Ministerio Público;

Que, la Ley n.° 26842, Ley General de Salud, establece que el Estado promueve la ética en investigación científica y tecnológica en el campo de la salud, así como, laformación, capacitación y entrenamiento de recursos humanos para el cuidado de la Salud;

Que, mediante Resolución Jefatural n.° 052-2024-MP-FN-JN-IMLCF se aprobó la "Directiva de Desarrollo y Ejecución de Proyectos de Investigación en el Instituto de Medicina Legal y Ciencias Forenses", la cual, en su numeral 5.1.6 dispone que todo proyecto de investigación debe contar con la aprobación de la Jefatura Nacional del Instituto de Medicina Legal y Ciencias Forenses (IML);

Que, el numeral 5.2.4 de la referida Directiva establece que el Comité Institucional de Ética en Investigación del Instituto de Medicina Legal y Ciencias Forenses (CIEI-IMLCF) es el órgano encargado de realizar la revisión técnica y metodológica de los proyectos de investigación institucionales o colaborativos asignados;

Que, el numeral 5.2.5 de la citada Directiva establece que es competencia exclusiva de la Jefatura Nacional del IML emitir la aprobación técnica del proyecto que cumpla con los requisitos establecidos, previo informe favorable del Comité Institucional de Ética en Investigación del Instituto de Medicina Legal y Ciencias Forenses (CIEI-IMLCF);

Firma Digital

Firmado digitalmente por PACHECO DE LA CRUZ Jose Luis FAU 20131370301 soft
Gerente De La Oficina De Garantia De Calidad(E)
Motivo: Doy V° B°

Que, el Comité Institucional de Ética en Investigación del IML, válidamente conformado mediante Resolución Jefatural n.° 000008-2025-MP-FN-IMLCF, realizó la revisión técnica y metodológica del proyecto de investigación titulado

Firma Digital

Firmado digitalmente por CABERO ROJAS Augusto Mauricio FAU 20131370301 soft
Gerente Administrativo De La Unidad Ejecutora Iml
Motivo: Doy V° B°

"Análisis del cromosoma sexual Y en casos de violación sexual en mujeres del Perú, periodo 2018 al 2022", presentado por la investigadora María Elena Medina Quintanilla, concluyendo mediante Informe Técnico n.° 018-2026 que el mismo no presenta observaciones, habiéndose verificado la subsanación de las observaciones formuladas, acordándose su aprobación en el ámbito de su competencia;

Que, en esa línea, mediante informe n.° 000023-2026-MP-FN-EAM-UNTOQUIL, de fecha 20 de abril de 2026, la Presidenta del Comité Institucional de Ética en Investigación del Instituto de Medicina Legal y Ciencias Forenses pone en conocimiento la aprobación metodológica del citado proyecto, precisando que la investigación empleará la técnica de análisis documental, por lo que la investigadora deberá resguardar la confidencialidad de la información y respetar los principios éticos que rigen la investigación científica, bajo supervisión de la Subgerencia de la Unidad de Biología Molecular; asimismo, se precisa que el periodo máximo de permiso para la ejecución del proyecto será de un (01) mes, conforme al cronograma de investigación;

Que, a través del informe n.° 000036-2026-MP-FN-OFGACAL, de fecha 21 de abril de 2026, la Oficina de Garantía de Calidad valida la revisión técnica y metodológica del proyecto de investigación efectuada por el Comité Institucional de Ética en Investigación del IML, concluyendo que corresponde a la Jefatura Nacional del Instituto de Medicina Legal y Ciencias Forenses emitir la aprobación técnica del proyecto de investigación titulado "Análisis del cromosoma sexual Y en casos de violación sexual en mujeres del Perú, periodo 2018 al 2022", presentado por la investigadora María Elena Medina Quintanilla, conforme al numeral 5.2.5 de la "Directiva de Desarrollo y Ejecución de Proyectos de Investigación en el Instituto de Medicina Legal y Ciencias Forenses";

Que, con informe n.° 000453-2026-MP-FN-JN-IMLCF-GA-AAJ, de fecha 11 de mayo de 2026, el Área de Asesoría Jurídica concluye que resulta legalmente viable que la Jefatura Nacional del Instituto de Medicina Legal y Ciencias Forenses emita la aprobación técnica del proyecto de investigación materia de análisis, al haberse verificado el cumplimiento del procedimiento establecido en la "Directiva de Desarrollo y Ejecución de Proyectos de Investigación en el Instituto de Medicina Legal y Ciencias Forenses" y contar con informe favorable del Comité Institucional de Ética en Investigación del Instituto de Medicina Legal y Ciencias Forenses (CIEI-IMLCF);

Contando con el visto bueno de la Gerencia Administrativa, la Oficina de Garantía de Calidad y el Área de Asesoría Jurídica de la Unidad Ejecutora 010: Instituto de Medicina Legal y Ciencias Forenses;

Que, con Resolución de Fiscalía de la Nación n.° 001021-2026-MP-FN de fecha 09 de abril de 2026 se designa, al Dr. Francisco Rubén Brizuela Pow Sang, en el cargo de confianza de Jefe Nacional del Instituto de Medicina Legal y Ciencias Forenses;

Que, de conformidad con la Directiva "Desarrollo y Ejecución de Proyectos de Investigación en el Instituto de Medicina Legal y Ciencias Forenses", aprobada mediante Resolución Jefatural n.° 052-2024-MP-FN-JN-IMLCF, y en uso de las facultades conferidas a la Jefatura Nacional del Instituto de Medicina Legal y Ciencias Forenses en los artículos 125 y 126 del Texto Integrado del Reglamento de

Organización y Funciones del Ministerio Público, aprobado mediante Resolución de la Fiscalía de la Nación n.° 442-2025-MP-FN;

SE RESUELVE:

ARTÍCULO PRIMERO.- APROBAR técnicamente el proyecto de investigación titulado "Análisis del cromosoma sexual Y en casos de violación sexual en mujeres del Perú, periodo 2018 al 2022", presentado por la investigadora María Elena Medina Quintanilla.

ARTÍCULO SEGUNDO.- DISPONER que la investigadora deberá cumplir con las disposiciones establecidas en la "Directiva de Desarrollo y Ejecución de Proyectos de Investigación en el Instituto de Medicina Legal y Ciencias Forenses", así como con las recomendaciones y lineamientos emitidos por el Comité Institucional de Ética en Investigación del Instituto de Medicina Legal y Ciencias Forenses (CIEI-IMLCF), garantizando la confidencialidad de la información y el respeto de los principios éticos que rigen la investigación científica.

ARTÍCULO TERCERO.- NOTIFICAR la presente Resolución a la investigadora María Elena Medina Quintanilla, para los fines correspondientes.

ARTÍCULO CUARTO.- NOTIFICAR la presente Resolución Jefatural a la Gerencia Administrativa, Gerencias, Oficinas y Áreas para conocimiento y fines pertinentes; asimismo, encargar la publicación de la presente Resolución en el portal institucional.

Regístrese, comuníquese y publíquese.

Anexo 7. Confiabilidad del instrumento

Tabla 7

Resultados del Análisis de Confiabilidad de la Prueba Piloto

Variable	Reactivos Analizados	Ítems Excluidos / Recodificados	Coeficiente Alfa de Cronbach	Nivel de Fiabilidad
Variable 1	Ítems 2, 3, 4, 5	Ítem 1 (Varianza cero)	0.78	Aceptable
Variable 2	Ítems 6, 7, 8, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10	Ítems 10 y 11 Dim. 1 (Varianza cero) Ítem 3 Dim. 1 e Ítem 9 Dim. 2 (Recodificados)	0.82	Alta

Nota. Datos procesados en el software SPSS a partir de una muestra piloto de 20 informes periciales.

Universidad Norbert Wiener

Escuela de Posgrado

Anexo 4. Evaluación de rigurosidad del instrumento (un experto)

Título: Análisis del Cromosoma Sexual Y en delitos de violación sexual en la Investigación Criminal en mujeres del Perú, periodo 2018 al 2022

Nº DIMENSION/ítems	Pertinencia [1]		Relevancia [2]		Claridad [3]		Sugerencias
	Si	No	Si	No	Si	No	
VARIABLE 1: STRs del cromosoma sexual Y	X		X		X		
Dimensión 1: Perfil genético del cromosoma sexual Y	X		X		X		
Perfil genético mínima	X		X		X		
Perfil genético máximo	X		X		X		
Tamaño del alelo	X		X		X		
Perfil Genético degradado	X		X		X		
Perfil Genético Inhibido	X		X		X		
Perfil Genéticao	X		X		X		
Dimensión 2: Contribuyentes	X		X		X		
Numero de alelos por marcador (sin considerar marcadores DYS385 a/b y DYF387S1)	X		X		X		
Numero de alelos en marcador DYS385 a/b	X		X		X		
Numero de alelos en marcador DYF387S1	X		X		X		
Coincidencia de Haplotipos en data Mundial	X		X		X		
Coincidencia de Haplotipos en data Peruana	X		X		X		
	Si	No	Si	No	Si	No	
VARIABLE 2: Delitos de violación sexual	X		X		X		
Dimensión 1: Condición de la victima	X		X		X		
Procedencia de la Victima	X		X		X		
Edad de la victima	X		X		X		
Grado de consanguinidad con el sospechoso	X		X		X		
Dimensión 2: condición de la muestra	X		X		X		
Localización de la muestra respecto al cuerpo de la victima	X		X		X		
Conservación de la muestra	X		X		X		
Tipo de soporte con muestra	X		X		X		
Tipo de Secresion	X		X		X		
Muestra de referencia de la Agraviada	X		X		X		
Cuantificación del cromosoma sexual Y	X		X		X		
Cadena de Custodia	X		X		X		

[1] **Pertinencia:** el ítem corresponde al concepto teórico formulado.

[2] **Relevancia:** el ítem es apropiado para representar al componente o dominio específico del constructo.

[3] **Claridad:** se entiende sin dificultad alguna el enunciado del ítem, es conciso,exacto y directo.

Opinión de aplicabilidad:

Aplicable [X] Aplicable después de corregir [ ] No aplicable [ ]

Apellidos y nombres del juez validador: Delgado Ramos Edgardo

DNI: 16758936

Especialidad del Validador: Maestro en genética

Blgo. Edgardo Delgado Ramos
ANALISTA
C.B.P. N° 5178

Universidad Norbert Wiener

Escuela de Posgrado

Anexo 4. Evaluación de rigurosidad del instrumento (un experto)

Título: Análisis del Cromosoma Sexual Y en delitos de violación sexual en la Investigación Criminal en mujeres del Perú, periodo 2018 al 2022

Nº DIMENSION/ítems	Pertinencia [1]		Relevancia [2]		Claridad [3]		Sugerencias
	Si	No	Si	No	Si	No	
VARIABLE 1: STRs del cromosoma sexual Y	X		X		X		
Dimensión 1: Perfil genético del cromosoma sexual Y	X		X		X		
Perfil genético mínima	X		X		X		
Perfil genético máximo	X		X		X		
Tamaño del alelo	X		X		X		
Perfil Genético degradado	X		X		X		
Perfil Genético Inhibido	X		X		X		
Perfil Genéticao	X		X		X		
Dimensión 2: Contribuyentes	X		X		X		
Numero de alelos por marcador (sin considerar marcadores DYS385 a/b y DYF387S1)	X		X		X		
Numero de alelos en marcador DYS385 a/b	X		X		X		
Numero de alelos en marcador DYF387S1	X		X		X		
Coincidencia de Haplotipos en data Mundial	X		X		X		
Coincidencia de Haplotipos en data Peruana	X		X		X		
	Si	No	Si	No	Si	No	
VARIABLE 2: Delitos de violación sexual	X		X		X		
Dimensión 1: Condición de la victima	X		X		X		
Procedencia de la Victima	X		X		X		
Edad de la victima	X		X		X		
Grado de consanguinidad con el sospechoso	X		X		X		
Dimensión 2: condición de la muestra	X		X		X		
Localización de la muestra respecto al cuerpo de la victima	X		X		X		
Conservación de la muestra	X		X		X		
Tipo de soporte con muestra	X		X		X		
Tipo de Secresion	X		X		X		
Muestra de referencia de la Agraviada	X		X		X		
Cuantificación del cromosoma sexual Y	X		X		X		
Cadena de Custodia	X		X		X		

[1] **Pertinencia:** el ítem corresponde al concepto teórico formulado.

[2] **Relevancia:** el ítem es apropiado para representar al componente o dominio específico del constructo.

[3] **Claridad:** se entiende sin dificultad alguna el enunciado del ítem, es conciso,exacto y directo.

Opinión de aplicabilidad:

Aplicable [X] Aplicable después de corregir [ ] No aplicable [ ]

Apellidos y nombres del juez validador: Mg. FREDDY EVAN URBINA LAIME

DNI: 45287618



Universidad Norbert Wiener

Escuela de Posgrado

Anexo 4. Evaluación de rigurosidad del instrumento (un experto)

Título: Análisis del Cromosoma Sexual Y en delitos de violación sexual en la Investigación Criminal en mujeres del Perú, periodo 2018 al 2022

Nº DIMENSION/ítems	Pertinencia [1]		Relevancia [2]		Claridad [3]		Sugerencias
	Si	No	Si	No	Si	No	
VARIABLE 1: STRs del cromosoma sexual Y	X		X		X		
Dimensión 1: Perfil genético del cromosoma sexual Y	X		X		X		
Perfil genético mínima	X		X		X		
Perfil genético máximo	X		X		X		
Tamaño del alelo	X		X		X		
Perfil Genético degradado	X		X		X		
Perfil Genético Inhibido	X		X		X		
Perfil Genéticao	X		X		X		
Dimensión 2: Contribuyentes	X		X		X		
Numero de alelos por marcador (sin considerar marcadores DYS385 a/b y DYF387S1)	X		X		X		
Numero de alelos en marcador DYS385 a/b	X		X		X		
Numero de alelos en marcador DYF387S1	X		X		X		
Coincidencia de Haplotipos en data Mundial	X		X		X		
Coincidencia de Haplotipos en data Peruana	X		X		X		
	Si	No	Si	No	Si	No	
VARIABLE 2: Delitos de violación sexual	X		X		X		
Dimensión 1: Condición de la victima	X		X		X		
Procedencia de la Victima	X		X		X		
Edad de la victima	X		X		X		
Grado de consanguinidad con el sospechoso	X		X		X		
Dimensión 2: condición de la muestra	X		X		X		
Localización de la muestra respecto al cuerpo de la victima	X		X		X		
Conservación de la muestra	X		X		X		
Tipo de soporte con muestra	X		X		X		
Tipo de Secresion	X		X		X		
Muestra de referencia de la Agraviada	X		X		X		
Cuantificación del cromosoma sexual Y	X		X		X		
Cadena de Custodia	X		X		X		

[1] **Pertinencia:** el ítem corresponde al concepto teórico formulado.

[2] **Relevancia:** el ítem es apropiado para representar al componente o dominio específico del constructo.

[3] **Claridad:** se entiende sin dificultad alguna el enunciado del ítem, es conciso,exacto y directo.

Opinión de aplicabilidad:

Aplicable [A] Aplicable después de corregir [ ] No aplicable [ ]

Apellidos y nombres del juez validador: Dr. Lenin Arturo Zuñiga Jara

DNI: 41847613

Especialidad del Validador Microbiologo



Lenin Arturo Zuniga Jara
CBP 6186

Universidad Norbert Wiener

Escuela de Posgrado

Anexo 4. Evaluación de rigurosidad del instrumento (un experto)

Título: Análisis del Cromosoma Sexual Y en delitos de violación sexual en la Investigación Criminal en mujeres del Perú, periodo 2018 al 2022

Nº DIMENSION/ítems	Pertinencia [1]		Relevancia [2]		Claridad [3]		Sugerencias
	Si	No	Si	No	Si	No	
VARIABLE 1: STRs del cromosoma sexual Y	X		X		X		
Dimensión 1: Perfil genético del cromosoma sexual Y	X		X		X		
Perfil genético mínima	X		X		X		
Perfil genético máximo	X		X		X		
Tamaño del alelo	X		X		X		
Perfil Genético degradado	X		X		X		
Perfil Genético Inhibido	X		X		X		
Perfil Genéticao	X		X		X		
Dimensión 2: Contribuyentes	X		X		X		
Numero de alelos por marcador (sin considerar marcadores DYS385 a/b y DYF387S1)	X		X		X		
Numero de alelos en marcador DYS385 a/b	X		X		X		
Numero de alelos en marcador DYF387S1	X		X		X		
Coincidencia de Haplotipos en data Mundial	X		X		X		
Coincidencia de Haplotipos en data Peruana	X		X		X		
	Si	No	Si	No	Si	No	
VARIABLE 2: Delitos de violación sexual	X		X		X		
Dimensión 1: Condición de la victima	X		X		X		
Procedencia de la Victima	X		X		X		
Edad de la victima	X		X		X		
Grado de consanguinidad con el sospechoso	X		X		X		
Dimensión 2: condición de la muestra	X		X		X		
Localización de la muestra respecto al cuerpo de la victima	X		X		X		
Conservación de la muestra	X		X		X		
Tipo de soporte con muestra	X		X		X		
Tipo de Secresion	X		X		X		
Muestra de referencia de la Agraviada	X		X		X		
Cuantificación del cromosoma sexual Y	X		X		X		
Cadena de Custodia	X		X		X		

[1] **Pertinencia:** el ítem corresponde al concepto teórico formulado.

[2] **Relevancia:** el ítem es apropiado para representar al componente o dominio específico del constructo.

[3] **Claridad:** se entiende sin dificultad alguna el enunciado del ítem, es conciso,exacto y directo.

Opinión de aplicabilidad:

Aplicable [X] Aplicable después de corregir [ ] No aplicable [ ]

Apellidos y nombres del juez validador: José Luis Canales Guillen

DNI: 40900931

Especialidad del validador: Biólogo - Criminalística



Universidad Norbert Wiener

Escuela de Posgrado

Anexo 4. Evaluación de rigurosidad del instrumento (un experto)

Título: Análisis del Cromosoma Sexual Y en delitos de violación sexual en la Investigación Criminal en mujeres del Perú, periodo 2018 al 2022

Nº DIMENSION/ítems	Pertinencia [1]		Relevancia [2]		Claridad [3]		Sugerencias
	Si	No	Si	No	Si	No	
VARIABLE 1: STRs del cromosoma sexual Y	X		X		X		
Dimensión 1: Perfil genético del cromosoma sexual Y	X		X		X		
Perfil genético minima	X		X		X		
Perfil genético máximo	X		X		X		
Tamaño del alelo	X		X		X		
Perfil Genético degradado	X		X		X		
Perfil Genético Inhibido	X		X		X		
Perfil Genéticao	X		X		X		
Dimensión 2: Contribuyentes	X		X		X		
Numero de alelos por marcador (sin considerar marcadores DYS385 a/b y DYF387S1)	X		X		X		
Numero de alelos en marcador DYS385 a/b	X		X		X		
Numero de alelos en marcador DYF387S1	X		X		X		
Coincidencia de Haplotipos en data Mundial	X		X		X		
Coincidencia de Haplotipos en data Peruana	X		X		X		
	Si	No	Si	No	Si	No	
VARIABLE 2: Delitos de violación sexual	X		X		X		
Dimensión 1: Condición de la victima	X		X		X		
Procedencia de la Victima	X		X		X		
Edad de la victima	X		X		X		
Grado de consanguinidad con el sospechoso	X		X		X		
Dimensión 2: condición de la muestra	X		X		X		
Localización de la muestra respecto al cuerpo de la victima	X		X		X		
Conservación de la muestra	X		X		X		
Tipo de soporte con muestra	X		X		X		
Tipo de Secresion	X		X		X		
Muestra de referencia de la Agraviada	X		X		X		
Cuantificación del cromosoma sexual Y	X		X		X		
Cadena de Custodia	X		X		X		

[1] **Pertinencia:** el ítem corresponde al concepto teórico formulado.

[2] **Relevancia:** el ítem es apropiado para representar al componente o dominio específico del constructo.

[3] **Claridad:** se entiende sin dificultad alguna el enunciado del ítem, es conciso,exacto y directo.

Opinión de aplicabilidad:

Aplicable [✓] Aplicable después de corregir [ ] No aplicable [ ]

Apellidos y nombres del juez validador: Dra. CHAVEZ PASCO GAUGHY SUJHEY

DNI: 40035213

Especialidad del Validador: Biología Molecular y Genética



17% Similitud general

El total combinado de todas las coincidencias, incluidas las fuentes superpuestas, para ca...

Fuentes principales

14% Fuentes de Internet
2% Publicaciones
9% Trabajos entregados (trabajos del estudiante)

Marcas de integridad

N.º de alertas de integridad para revisión

No se han detectado manipulaciones de texto sospechosas.

Los algoritmos de nuestro sistema analizan un documento en profundidad para buscar inconsistencias que permitirían distinguirlo de una entrega normal. Si advertimos algo extraño, lo marcamos como una alerta para que pueda revisarlo.

Una marca de alerta no es necesariamente un indicador de problemas. Sin embargo, recomendamos que preste atención y la revise.

Fuentes principales

14% Fuentes de Internet
2% Publicaciones
9% Trabajos entregados (trabajos del estudiante)

Fuentes principales

Las fuentes con el mayor número de coincidencias dentro de la entrega. Las fuentes superpuestas no se mostrarán.

1 Internet
repositorio.ucv.edu.pe 1%

2 Trabajos entregados
Pontificia Universidad Catolica del Peru on 2024-12-10 1%

3 Trabajos entregados
Universidad Wiener on 2026-08-17 1%

4 Internet
www.genome.gov 1%

5 Internet
cybertesis.unmsm.edu.pe <1%

6 Internet
addi.ehu.es <1%

7 Internet
www.saber.ula.ve <1%

8 Internet
repository.javeriana.edu.co <1%

9 Internet
www.grafiati.com <1%

10 Trabajos entregados
Universidad Tecnologica del Peru on 2018-12-18 <1%

11 Internet
repositorio.ujcm.edu.pe <1%