



Código Ancestría

¡Hola, User!

¡Bienvenido a tu código genético!

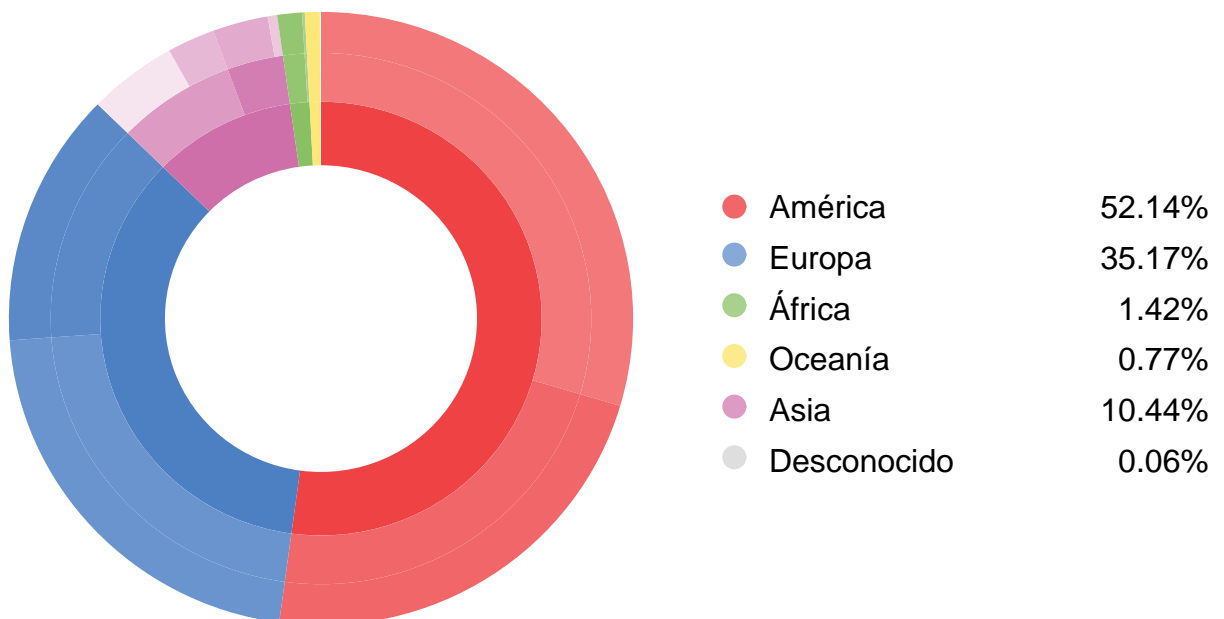


código⁴⁶ Conoce tu pasado, prolonga tu futuro

REPORTE DE ANCESTRÍA GENÉTICA GLOBAL

Tu ADN cuenta una historia única de quién eres y cómo te conectas con el mundo. Descubre de donde vienen tus antepasados, de que continente o rincón del mundo.

En este reporte se encuentra la información resumida con hallazgos significativos en cuanto a composición genómica demográfica.





América

52.14%

- Sur de América 29.59%
- Norte de América 22.55%



Europa

35.17%

- Sur de Europa 21.73%
- Norte de Europa 13.44%



África

1.42%

- Este de África 1.28%
- África Subsahariana 0.00%
- Sur de África 0.14%



Oceanía

0.77%



Asia

10.44%

● Sur de Asia	7.08%
● Kalash	2.47%
● Poblaciones de Indostán	0.0%
● Beduino	4.61%
● Este de Asia	3.36%
● Japonés	2.87%
● Chino	0.49%
● Norte de Asia	0.00%

Desconocido

0.06%

La información en este reporte es susceptible a cambios. Los algoritmos usados para realizar este cálculo de ancestría están en función del número de poblaciones de diferentes partes del mundo, éstas se toman como referencia. Entre más diversidad y cantidad de poblaciones existan, se obtendrá una mayor resolución de tu composición ancestral.



LIMITACIONES DE LA PRUEBA

La interpretación de los resultados de las pruebas realizadas por Código 46 está limitada por la información disponible actualmente. Una interpretación más extensa podría ser posible en el futuro a medida que se acumulen más datos y conocimientos sobre la genética humana y las diferentes condiciones de salud estudiadas.

Cuando la genotipificación no revela alguna diferencia con respecto a la secuencia de referencia, o cuando una variante se encuentra en estado homocigoto, no se puede tener certeza de que se han podido detectar ambos alelos de un individuo, esta es una limitante de cualquier plataforma de genotipificación por microarreglos.

Ocasionalmente, un individuo puede portar un alelo que no se amplifica y detecta debido a una gran deleción o inserción en su genoma, en estos casos, el marcador no se puede detectar y por lo tanto, su informe no contiene información sobre dicho alelo.

Nuestras pruebas no detectan variantes por número de copia (CNV).

Evaluamos variantes puntuales en diferentes exones codificantes para cada gen incluido en nuestro arreglo. A menos que se indique específicamente, los reportes de resultados no contienen información sobre otras regiones genómicas que actualmente no hayan sido caracterizadas.

A menos que se indique lo contrario, los datos de la secuencia de ADN se obtienen a partir de un tipo de célula específico (de la muestra de tejido epitelial recolectado con nuestro kit). Los reportes de resultados no contienen información sobre la secuencia de ADN en otros tipos de células, tejidos u órganos. Debido a esto, nuestra capacidad para detectar variantes debido al mosaicismo somático es limitada.

Para esta prueba utilizamos el genoma de referencia Genome build hg19 (versión GRCh37), una reinterpretación de tus datos bajo cualquier otra versión del genoma humano puede diferir de los resultados aquí mostrados.

Confiamos en nuestra capacidad de rastrear una muestra una vez que ha sido recibida por Código 46. Sin embargo, no nos responsabilizamos por ningún error de etiquetado de muestra que ocurra antes de que la muestra llegue a Código 46.

Estos resultados deben usarse en el contexto de los hallazgos clínicos disponibles, y no deben usarse como la única base para el tratamiento. Esta prueba fue desarrollada y sus características de rendimiento fueron determinadas por Código 46, el cual está certificado bajo la norma ISO 9001:2015 para realizar pruebas de laboratorio clínico de alta complejidad.

Se recomienda asesoría genética para ayudar a explicar los resultados de las pruebas y para analizar las opciones de reproducción.