

# Uso de marcadores polimórficos de ADN

## en pruebas de paternidad

Abreviaturas: H = heterocigosidad, PE = probabilidad de exclusión y PD = probabilidad de discriminación.

Recibido: 07/12/2005

Aceptado: 16/12/2005

Antonio Quintero Ramos,\* Guillermo Hernández Zaragoza,\*\* Norma Olivares Gasamáns,\*\*\* Fernando Rivas Solís\*

\* Centro de Investigaciones Biomédicas de Occidente, Instituto Mexicano del Seguro Social (CIBO-IMSS).

\*\* Laboratorio Genes.

\*\*\* Hospital General de Occidente, Secretaría de Salud, Jalisco

### Correspondencia:

QFB Antonio Quintero Ramos  
Centro de Investigaciones Biomédicas de Occidente  
Sierra Mojada núm. 800  
Guadalajara, Jalisco  
Col. Independencia,  
Tel: (33) 36 68 30 00, ext. 31930

67

## Introducción

La tipificación de regiones hipervariables del ADN en muestras humanas es un proceso que tiene aplicaciones en estudios de diversidad, genética poblacional, en investigaciones forenses y de relaciones de parentesco. Anteriormente se utilizaban polimorfismos de variación en proteínas como el sistema HLA y ABO, también se emplearon los RFLPs. Actualmente se conocen las repeticiones cortas en tandem (STR) que son marcadores polimórficos con alta informatividad, por lo que son muy eficientes para aplicaciones en estudios poblacionales. En la actualidad, la comunidad genética forense ha puesto en uso, estandarizado y aprobado los marcadores STR de la base de datos americana denominada CODIS (*Combined DNA Index System*).

Las tipificaciones del sistema CODIS son generalmente mediante equipo automatizado y con la utilización de kits (Perkin-Elmer, Promega) en los que se proveen las condiciones necesarias a utilizar para la tipificación de dichos marcadores.

Hoy en día se conocen datos poblacionales de diversas partes del mundo donde se tipificaron personas utilizando la serie CODIS, incluido México.

**Objetivo.** Desarrollar y estandarizar la tipificación de marcadores STR de la serie CODIS mediante sistemas manuales en geles de poliacrilamida, y estimar parámetros poblacionales de tales marcadores en nuestro medio.

## Material y métodos

El estudio se realizó en muestras de voluntarios residentes de la ciudad de Guadalajara, Jalisco,

<b>Cuadro I.</b>							
Sitio	H	PE	PD	Sitio	H	PE	PD
TPOX	0.66	0.40	0.83	D8S1179	0.82	0.63	0.94
D3S1358	0.74	0.52	0.89	D13S317	0.82	0.63	0.94
D5S818	0.71	0.48	0.87	D16S539	0.79	0.58	0.92
CSF1PO	0.76	0.53	0.90	FGA	0.88	0.76	0.97
TH01	0.77	0.54	0.90	D18S51	0.88	0.73	0.97
D7S820	0.78	0.58	0.92	D21S11	0.85	0.70	0.96
VWA	0.77	0.56	0.91				

no relacionados entre sí con una n de 100 "n" 200 por cada sitio. La extracción de ADN fue en sangre periférica mediante el método de Miller. Se hizo la tipificación de cada uno de los 13 marcadores tetranucleotídicos de la serie CODIS mediante la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y electroforesis en geles de acrilamida. Los primers o iniciadores se tomaron del GDB (<http://gdbwww.gdb.org/>).

estimados de heterocigosidad (H), probabilidad de exclusión (PE) y probabilidad de discriminación (PD) para cada uno de los sitios estudiados.

## Discusión

Se logró desarrollar las técnicas para la tipificación de 13 marcadores STRs de la serie CODIS mediante equipos manuales habituales en un laboratorio. Los resultados fueron similares a los encontrados en la literatura en poblaciones latinoamericanas. Los marcadores presentados son útiles para estudios de diversidad, casos forenses y de parentesco con valores de PE y PI acumulados > 0.999999.

## Resultados

En todos los sitios, las proporciones genotípicas estuvieron de acuerdo con las expectativas de Hardi Weinberg (HW). El *cuadro I* presenta los

