

# Datos poblacionales de cinco STRs de la serie INTERPOL en una población mestiza del Occidente de México

Antonio Quintero-Ramos,<sup>\*,†</sup> Jorge R. Padilla-Gutiérrez,<sup>\*,‡</sup> Guillermo Hernández-Zaragoza,<sup>\*,‡</sup> Yeminia Valle,<sup>\*</sup> Laura L. Valdez-Velázquez,<sup>§</sup> Norma Olivares,<sup>||</sup> Fernando Rivas<sup>\*,‡</sup>

\* Centro de Investigación Biomédica de Occidente, Instituto Mexicano del Seguro Social.

† Laboratorio de Inmunología, Centro Universitario de Ciencias de la Salud, Universidad de Guadalajara.

‡ Laboratorio Genes de Guadalajara.

§ Facultad de Ciencias Químicas, Universidad de Colima.

|| Hospital General de Occidente, Secretaría de Salud de Jalisco.

**Population data of five STRs from the INTERPOL series in a mestizo population of western Mexico (State of Jalisco)**

## ABSTRACT

**Introduction.** Short tandem repeats (STRs) are the DNA polymorphisms most widely used in forensic genetics and parentage testing. Most common series of STRs are those from FBI (CODIS) and from INTERPOL. While there are data related to the first group, no studies are still known in Mexican populations in regard of the INTERPOL set. **Objective.** To describe the genetic characteristics of five INTERPOL STRs and to estimate their main forensic parameters in a population from western Mexico. **Material and methods.** Samples from 100 random volunteers from the State of Jalisco were PCR typed for STRs F13B, D2S1338, FESFPS, Penta D and Penta E. **Results.** Genotype proportions in all five STRs were in agreement with Hardy-Weinberg expectations ( $p > 0.05$ ). Heterozygosity varied from 0.68 for FESFPS to 0.91 for Penta E markers. Power of discrimination (PD) and exclusion probability (EP) were in the 0.83-0.97 and 0.46-0.75 ranges, respectively. The five combined STRs give a PE  $> 0.99143$  and PD  $> 0.99999$ . **Conclusions.** These results contribute to establish data bases representative of western Mexico and are useful in DNA forensic and parentage studies.

**Key words.** Polymorphisms. Microsatellite. INTERPOL. Power of discrimination. Exclusion probability.

## RESUMEN

**Introducción.** Las repeticiones cortas en tandem o STRs (*short tandem repeats*), son los marcadores polimórficos más utilizados en genética forense y pruebas de parentesco. Las series de STRs más comunes son la serie CODIS del FBI y la de INTERPOL. Si bien se conocen estudios en relación con la primera serie, no existen hasta la fecha reportes en poblaciones mexicanas con marcadores del grupo de INTERPOL.

**Objetivo.** Describir las características genéticas y estimar los principales parámetros forenses de cinco STRs de la serie INTERPOL en una población mestiza del occidente de México.

**Material y métodos.** Se analizaron mediante PCR muestras de 100 voluntarios no emparentados entre sí, residentes en el estado de Jalisco, para los STRs F13B, D2S1338, FESFPS, Penta D y Penta E.

**Resultados.** Las proporciones genotípicas para los cinco STRs estuvieron de acuerdo con las expectativas de Hardy-Weinberg ( $p > 0.05$ ). La heterozigocidad varió de 0.68 para el marcador FESFPS a 0.91 para el Penta E. El poder de discriminación (PD) y la probabilidad de exclusión (PE) estuvieron en los rangos 0.83-0.97 y 0.46-0.75, respectivamente. Para los cinco sistemas combinados se obtuvo un PE  $> 0.99143$  y un PD  $> 0.99999$ . **Conclusiones.** Los resultados contribuyen a establecer bases de datos representativos de la región, mismas que son útiles en las pruebas forenses y de parentesco basadas en los perfiles de ADN.

**Palabras clave.** Polimorfismos. Microsatélites. INTERPOL. Poder de discriminación. Probabilidad de exclusión.

## INTRODUCCIÓN

Los microsatélites o repeticiones cortas en tandem (STRs: *Short Tandem Repeats*), son regiones de ADN de tamaño variable, cuya definición depende del número de repeticiones que contenga dicho segmento.<sup>1</sup> Debido a sus atributos de alta informatividad, baja tasa de mutación, transmisión mendeliana simple y facilidad para analizarlos mediante la reacción en cadena de la polimerasa (PCR: *Polymerase Chain Reaction*), los STRs son comúnmente utilizados en genética forense y en pruebas de parentesco biológico.<sup>2-4</sup> Por ello, la tipificación en muestras biológicas a partir de ADN mediante STRs provee un método altamente sensible para el análisis de evidencias forenses o en casos donde la paternidad se encuentra en duda o disputa.<sup>5,6</sup>

La Red Europea de Institutos de Ciencias Forenses (ENFSI: *European Network of Forensic Science Institutes*) y el grupo Europeo de Perfiles de ADN (EDNAP: *European DNA Profiling Group*), colaboran con INTERPOL para la formación de genotecas con perfiles de ADN en series de individuos vinculados a un proceso forense. Con el propósito de facilitar la comparación de perfiles de ADN entre laboratorios forenses, existe a nivel internacional un “Formulario de INTERPOL para solicitar la búsqueda de perfil de ADN”, que contempla 24 loci STRs normalizados (TPOX, D3S1358, FGA, CSF1PO, D5S818, D7S820, D8S1179, TH01, vWA, D13S317, D16S539, D18S51, D21S11, Penta D, Penta E, D2S1338, FESFPS, F13B, D19S433, F13A, SE33, CD4, GABA y Amelogenina).<sup>7</sup> Debido al ámbito territorial de acción de INTERPOL y a las diferencias en la estructura genética poblacional regional, es conveniente la creación de bases de datos locales con perfiles de ADN provenientes de individuos de diferentes nacionalidades. Dichas bases de datos pueden ayudar a precisar las probabilidades de discriminación y de exclusión así como mejorar la calidad de los resultados al tener fuentes de comparación locales,<sup>8</sup> por lo que se justifica el establecimiento de bases de datos propias de nuestro país.

Desde 2005 se han reportado trabajos en donde se incluye el marcador D2S1338,<sup>9-11</sup> el cual es uno de los que se analiza en el presente trabajo. Gorostiza, *et al.*<sup>12</sup> reportaron 15 STRs en población mexicana, correspondientes a la serie INTERPOL (TPOX, D3S1358, FGA, CSF1PO, D5S818, D7S820, D8S1179, TH01, vWA, D13S317, D16S539, D18S51, D21S11, D2S1338 y D19S433), en donde los 13 primeros marcadores pertenecen también a la serie CODIS (*Combined DNA Index System*) del FBI. Más

recientemente, Calderon-Garcidueñas, *et al.*<sup>13</sup> presentaron datos de tres marcadores de la serie CODIS en una población con cáncer de mama. De la misma manera en 2008<sup>14,15</sup> se reportaron datos sobre 15 STRs en una población de origen maya y población mestiza de México. Por lo que hasta la fecha, en México no se han reportado datos acerca de los marcadores F13B, FESFPS, Penta D y Penta E, mismos que son abordados por primera vez en el presente trabajo.

## MATERIAL Y MÉTODOS

### Población analizada

Se analizaron los datos de la tipificación molecular de las muestras de 100 individuos no relacionados, hispano-parlantes, mestizos mexicanos del Occidente de México de ambos sexos residentes del estado de Jalisco. El rango de edad de la población analizada fluctuó de 18 a 70 años y todos aceptaron participar en el estudio de manera voluntaria y dieron por escrito su consentimiento informado.

### Aislamiento del ADN

Las muestras biológicas fueron leucocitos de sangre periférica o células epiteliales de la mucosa bucal. El ADN de las primeras se extrajo con un método salino que previamente ha sido reportado<sup>16</sup> y el ADN de las células epiteliales se obtuvo con el método de Chelex.<sup>17</sup>

### Análisis de marcadores

Se analizaron cinco marcadores STRs (F13B, D2S1338, FESFPS, Penta D y Penta E). Las secuencias de los iniciadores se tomaron de reportes previos<sup>18-20</sup> y fueron las siguientes: Penta D: 5'-GAG CAA GAC ACC ATC TCA AGA A-3' y 5'-GAA ATT TTA CAT TTA TGT TTA TGA TTC TCT-3', Penta E: 5'-GGC GAC TGA GCA AGA CTC-3' y 5'-GGT TAT TAA TTG AGA AAA CTC CTT ACA-3', D2S1338: 5'-CCA GTG GAT TTG GAA ACA GA-3' y 5'-ACC TAG CAT GGT ACC TGC AG-3', F13B: 5'-TGA GGT GGT GTA CTA CCA TA-3' y 5'- GAT CAT GCC ATT GCA CTC TA-3', FESFPS: 5'-GGA AGA TGG AGT GGC TGT TA-3' y 5'-CTC CAG CCT GGC GAA AGA AT-3'.

La PCR para los cinco marcadores se realizó con los iniciadores específicos para cada marcador y se utilizaron las mismas concentraciones de reactivos en la mezcla de reacción. Los reactivos para PCR

utilizados fueron de la marca Invitrogen (Invitrogen Carlsbad, CA, USA), las condiciones para la reacción fueron 1X de buffer de PCR, 1.5 mM de MgCl<sub>2</sub>, 150 μM de la mezcla de dNTPs, 0.4 pM de cada iniciador, 0.02 U de Taq ADN Polimerasa, 10 ng de ADN genómico y agua estéril suficiente para un volumen de reacción final de 15 μL. Los cinco marcadores se amplificaron bajo el mismo programa de PCR en un termociclador Flexigene (Techne) después de una desnaturalización inicial a 94 °C x 4 min; 27 ciclos de 94 °C x 30 seg.; 63 °C x 30 seg y 72 °C x 30 seg, seguido de una extensión final de 72 °C x 5 min.

Los cinco STRs se analizaron individualmente mediante electroforesis en geles de poliacrilamida no desnaturizantes al 7% (19:1, 40%) en cámaras verticales (Modelos DAGS-250, CBS Scientific/Daigger y P9DS-1, OWL/Daigger) con buffer TBE 1X. Se aplicaron 5 μL de producto amplificado en los geles más 2 μL de buffer cargador. Los geles en la electroforesis corrieron a 180 V x 1.5 horas para los STRs Penta E y Penta D y 2.5 horas para los tres restantes. Los geles se tiñeron mediante la técnica de tinción con plata<sup>21</sup> y la interpretación fue realizada por dos personas.

#### Definición de los alelos y parámetros forenses

La identificación de los alelos en pares de bases (pb) se hizo tomando como referencia un marcador de peso molecular de 10 pb (Invitrogen, Carlsbad, CA) y escaleras alélicas particulares para cada STR, formadas por una mezcla de amplificados de varios individuos con diferentes alelos.<sup>22</sup> Estas escaleras se validaron mediante la tipificación de muestras de 10 individuos en un aparato automatizado ABI PRISM 377 Genetic Analyzer (Applied Biosystems, Foster City, CA), lo que permitió establecer los genotipos de cada individuo de acuerdo con el patrón de corrimiento interno correspondiente:

- **Heterocigocidad (He).** Es la condición de tener alelos diferentes en un sitio genético en particular.
- **Contenido de información polimórfica (PIC).** Evalúa la informatividad de un marcador genético de acuerdo al número de alelos y sus frecuencias alélicas, está directamente relacionado con la heterocigocidad.
- **Poder de discriminación (PD).** Capacidad que tiene un marcador STR de excluir a un hombre al azar de ser concordante (genotípicamente idéntico) con cierta persona, muestra o evidencia forense.

- **Probabilidad de exclusión (PE).** Capacidad que tiene un marcador STR para excluir a un hombre al azar de ser concordante con el hijo para un caso de paternidad biológica en particular.
- **PD y PE acumulados.** Es la capacidad o poder que presentan todos los marcadores en conjunto, en donde dicha probabilidad depende del número de sitios analizados.
- **Índice típico de paternidad (TPI).** Indica cuántas veces es más probable que un supuesto padre comparta material genético con un individuo tomado al azar.

#### Análisis estadístico

Los datos fueron capturados con la ayuda del programa SPSS v. 15. Las frecuencias genotípicas se obtuvieron a partir de los genotipos individuales y las frecuencias alélicas por el método de conteo a partir de las frecuencias genotípicas.<sup>23</sup> Para la comparación de las proporciones genotípicas observadas contra las esperadas (Equilibrio de Hardy-Weinberg, EHW) se utilizó el programa Genetic Data Analysis v. 1.0 (GDA).<sup>24</sup> Los parámetros forenses y de parentesco se calcularon mediante los programas GDA, Power Stat<sup>25</sup> y SPSS v 15, así como con un programa interactivo RXC para tablas de contingencia.<sup>26</sup>

#### RESULTADOS

Las frecuencias alélicas (Cuadro 1) fueron muy variadas para cada marcador. La distribución alélica para el STR F13B se observó en sólo seis alelos (6-11) presentes en la población, la frecuencia fue de 2% para el alelo menos (6) común y 31.5% para el alelo más común (10). El 86% de la frecuencia alélica se encontró distribuida en sólo tres alelos (9-11).

La frecuencia alélica del marcador D2S1338 se vio distribuida en 10 alelos (16-25). El alelo (16) menos común presentó una frecuencia de 1.5% y 19.5% para el alelo (19) más frecuente. El STR FESFPS presentó sólo seis alelos (9-14), en donde 89.5% de la frecuencia estuvo dada por sólo tres alelos (10-12).

A diferencia de los tres marcadores ya mencionados, el Penta D mostró 14 alelos (2.2-16) y el Penta E, 17 alelos (5, 7-22), característica que los hace ser muy informativos. Ambos presentan alta variabilidad genética ya que el alelo más común (12) en Penta D, mostró una frecuencia de 19.5% y de 11% en Penta E (16). Penta D y Penta E presentaron varios alelos con frecuencia de 0.5%, particularidad que los hace favorables en el momento de aplicarlos en pruebas de parentesco biológico o pruebas forenses.

**Cuadro 1.** Frecuencias alélicas para 5 STRs de la serie INTERPOL en población mestiza del occidente de México.

Alelo	F13B	D2S1338	FESFPS	Penta D	Penta E
2.2				0.015	
3				0.015	
5				0.005	0.005
6	0.020			0.005	0.000
7	0.060			0.005	0.065
8	0.060			0.020	0.015
9	0.255		0.010	0.160	0.005
10	0.315		0.195	0.185	0.055
11	0.290		0.435	0.160	0.090
12			0.265	0.195	0.185
13			0.090	0.155	0.085
14			0.005	0.065	0.060
15				0.010	0.100
16		0.015		0.005	0.110
17		0.095			0.095
18		0.150			0.045
19		0.195			0.055
20		0.150			0.005
21		0.075			0.015
22		0.030			0.010
23		0.130			
24		0.110			
25		0.040			

**Cuadro 2.** Parámetros forenses y de paternidad para 5 STRs de la serie INTERPOL en población mestiza del occidente de México.

	F13B	D2S1338	FESFPS	Penta D	Penta E
He	0.75	0.87	0.68	0.85	0.91
Ho	0.72	0.78	0.77	0.84	0.88
PIC	0.70	0.86	0.64	0.83	0.90
PD	0.880	0.962	0.835	0.949	0.972
PE	0.460	0.562	0.545	0.675	0.755
TPI	1.79	2.27	2.17	3.13	4.17
p	0.051	0.14	0.58	0.13	0.12
PD <sup>c</sup>			0.99999		

He = Heterocigocidad esperada. Ho = Heterocigocidad observada. PIC = Contenido de información polimórfica (*Polymorphism Information Content*). PD = Poder de discriminación. PE = Probabilidad de exclusión. TPI = Índice típico de paternidad (*Typical Paternity Index*). p = p-valores de la prueba exacta para el equilibrio de Hardy-Weinberg. PD<sup>c</sup> = Poder de discriminación combinado par los cinco loci analizados.

De los cinco marcadores analizados el más informativo, tomando en cuenta el parámetro heterocigocidad esperada (He), fue el Penta E (He = 0.91, Cuadro 2), seguido por D2S1338 (He = 0.87), Penta D (0.85), F13B (0.75) y el menos informativo fue el STR FESFPS (He = 0.68). Dicha informatividad se corroboró con el valor obtenido del PIC. En el cu-

adro 2 se observa que de acuerdo al valor del PIC, igualmente, el marcador más informativo en esta serie analizada es el Penta E (0.90) y el menos informativo el FESFPS (0.64).

La capacidad discriminatoria genotípica que presentan los cinco marcadores analizados tiene un comportamiento similar a la He y el PIC, en donde se observó que el STR con mayor capacidad de discriminación es Penta E (0.972), seguido de D2S1338 (0.962), Penta D (0.949), F13B (0.880) y finalmente el STR con menor capacidad de discriminación es el FESFPS (0.835).

Los valores observados en PE y TPI nos indican de la misma forma que el marcador con mayor capacidad de exclusión es el Penta E, el cual presentó una PE de 0.755 y un TPI de 4.17 y el STR con menor capacidad de exclusión es el F13B en donde se observó una PE de 0.460 y un TPI de 1.79. La probabilidad de exclusión (PE) combinada con los cinco polimorfismos fue > 0.99143% y el poder de discriminación combinado fue (PD<sup>c</sup>) > 0.99999%.

Las distribuciones genotípicas para los cinco marcadores analizados estuvieron acordes con el EHW ( $p > 0.05$ , Cuadro 2), por lo que las estimaciones de informatividad y parámetros forenses son confiables para la aplicación de los mismos en el área forense o parentesco biológico.

En el cuadro 2 se observa que el marcador FESFPS tiene el valor mayor de p (0.58) y el STR F13B presenta el valor más bajo de p (0.051), este último aunque es un valor marginal, se considera que es un dato no significativo y que dicho marcador se encuentra en EHW.

## DISCUSIÓN

La población mestiza analizada se compone de una mezcla europea (españoles), amerindios y africanos.<sup>27</sup> El total de la muestra equivale a 200 cromosomas independientes, número adecuado para establecer frecuencias alélicas y genotípicas representativas de la región y encontrar alelos con frecuencia igual o mayor a 5%.<sup>28</sup>

Se puede decir que la electroforesis en geles de poliacrilamida seguida de tinción con nitrato de plata es un método sencillo, rápido, eficiente, reproducible y económico para el análisis de STRs, análogamente a lo que se ha considerado en otros marcadores.<sup>29</sup> La metodología de amplificación con un mismo programa de PCR para todos los marcadores es también ventajosa en términos de ahorro de tiempo, ya que este procedimiento ha sido reportado en estudios previos.<sup>30-33</sup>

Es común analizar conjuntos comerciales de múltiples marcadores de las series CODIS e INTERPOL que incluyen sitios de baja informatividad. El análisis de STRs manualmente y de forma individual es útil al permitir seleccionar los mejores marcadores para su aplicación en cada población.

El establecimiento de bases de datos locales, en donde se informan las frecuencias alélicas de los STRs analizados, proporcionará la correcta aplicación de los marcadores en el ámbito de la medicina legal y genética forense. Además representa una fuente de polimorfismos STRs útiles en la identidad de personas, lo cual permitirá hacer exclusiones de paternidad de manera confiable y segura en la población del Occidente de México.

Las frecuencias alélicas estimadas para el marcador D2S1338 fueron similares a reportes previos de población mexicana,<sup>9-12,15,34</sup> en donde las diferencias observadas no fueron estadísticamente significativas ( $p > 0.05$ ).

En población asiática se observaron resultados contradictorios ya que no se observó diferencia ( $p = 0.1896$ )<sup>35</sup> en las frecuencias alélicas estimadas para el marcador D2S1338 en una población, pero al comparar otra población igualmente asiática para el mismo marcador, sí se observa diferencia ( $p = 0.0044$ ) estadísticamente significativa.<sup>36</sup>

Observamos diferencias significativas ( $p < 0.05$ ) entre las frecuencias alélicas de población mestiza con población europea<sup>37,38</sup> al comparar los marcadores Penta D, Penta E, F13B y FESFPS, notándose una mayor diferenciación en los marcadores F13B y Penta E ( $p = 0.0000$ ).

Las diferencias entre población mestiza con la europea y asiática pueden explicarse debido a las diferencias en los componentes de la mezcla de cada población.<sup>39</sup> Por lo que nuestros resultados sugieren el establecimiento de bases de datos locales para la aplicación de STRs en casos forenses y de paternidad biológica.

## CONCLUSIÓN

En conclusión, se presenta el primer reporte en México que incluye datos de cinco marcadores STRs de la serie INTERPOL, de los cuales cuatro no han sido reportados previamente. Estos datos contribuyen al conocimiento de la estructura genética mexicana y favorecen su aplicación en pruebas de identidad y parentesco biológico en México. Además de que las frecuencias alélicas obtenidas contribuyen con el establecimiento de bases de datos locales para su aplicación en el área forense y en pruebas de paternidad biológica.

## AGRADECIMIENTOS

Los autores expresan su agradecimiento a las personas que aportaron una muestra de sangre para el estudio y al CONACyT por la beca otorgada a Antonio Quintero Ramos durante su programa de doctorado.

## REFERENCIAS

1. Lins AM, Micka KA, Sprecher CJ, Taylor JA, Bacher JW, Rabbach DR, et al. Development and population study of an eight-locus short tandem repeat (STR) multiplex system. *J Forensic Sci* 1998; 43: 1168-80.
2. Hammond HA, Jin L, Zhong Y, Caskey CT, Chakraborty R. Evaluation of 13 short tandem repeat loci for use in personal identification applications. *Am J Hum Genet* 1994; 55: 175-89.
3. Budowle B, Shea B, Niegzoda S, Chakraborty R. CODIS STR loci data from 41 sample populations. *J Forensic Sci* 2001; 46: 453-89.
4. Cerdá-Flores RM, Budowle B, Jin L, Barton SA, Deka R, Chakraborty R. Maximum likelihood estimates of admixture in Northeastern Mexico using 13 short tandem repeat loci. *Am J Hum Biol* 2002; 14: 429-39.
5. Calafell F. The probability distribution of the number of loci indicating exclusion in a core of STR markers. *Int J Legal Med* 2000; 114: 61-5.
6. Perez-Lezaun A, Calafell F, Clarimon J, Bosch E, Mateu E, Gusmao L, et al. Allele frequencies of 13 short tandem repeats in population samples from the Iberian Peninsula and northern Africa. *Int J Legal Med* 2000; 113: 208-14.
7. INTERPOL. Disponible en: <http://www.interpol.int/Public/Forensic/DNA/Default.asp> [Acceso: febrero de 2008].
8. Gill P, Fereday L, Morling N, Schneider PM. The evolution of DNA databases—recommendations for new European STR loci. *Forensic Sci Int* 2006; 156: 242-4.
9. Luna-Vazquez A, Vilchis-Dorantes G, Aguilar-Ruiz MO, Bustamante-Rivas A, Rojo-Navia AL, Rios-Barrios E, Rangel-Villalobos H. Population data 15 loci (Identifiler® Kit) in a sample from the Valley of México. *Leg Med* 2005; 7: 331-3.
10. Martinez-Gonzalez LJ, Martinez-Espin E, Fernandez-Rosado F, Moguel MA, Entrala C, Alvarez JC, et al. Mexican population data on fifteen STR loci (Identifiler kit) in a Chihuahua (North Central Mexico) sample. *J Forensic Sci* 2005; 50: 236-8.
11. Barrot C, Sanchez C, Ortega M, Gonzalez Martin A, Brand-Casadevall C, Gorostiza A, et al. Characterization of three Amerindian populations from Hidalgo State (Mexico) by 15 STR-PCR polymorphisms. *Int J Legal Med* 2005; 119: 111-5.
12. Gorostiza A, González-Martín A, Ramírez CL, Sánchez C, Barrot C, Ortega M, et al. Allele frequencies of the 15 AmpF/STR Identifiler loci in the population of Metztitlan (Estado de Hidalgo), Mexico. *Forensic Sci Int* 2007; 166: 230-2.
13. Calderón-Garcidueñas AL, Rivera-Prieto RA, Ortiz-Lopez R, Rivas F, Barrera-Saldaña HA, Peñaloza-Espinosa RI, Cerdá-Flores RM. Genetic structure of Mexican Mestizo women with breast cancer based on three STR loci. *Am J Hum Biol* 2008; 20: 191-3.
14. Ibarra-Rivera L, Mirabal S, Regueiro MM, Herrera RJ. Delimiting genetic relationships among the Maya. *Am J Phys Anthropol* 2008; 135: 329-47.
15. Juárez-Cedillo T, Zuñiga J, Acuña-Alonso V, Perez Hernandez N, Rodriguez Perez JM, Barquera R, et al. Genetic admixture and diversity estimations in the Mexican Mestizo population from Mexico City using 15 STR polymorphic markers. *Forensic Science International: Genetics* 2008; 2: e37-e39.

16. Miller SA, Dykes DD, Polesky HF. A simple salting-out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. *Nucleic Acids Res* 1988; 16: 1215.
17. Walsh BS, Petzger DA, Higuchi R. Chelex-100 as medium for simple extraction of DNA for PCR-based typing from forensic material. *Biotechniques* 1991; 10: 506-10.
18. Nishimura DY, Murray JC. A tetranucleotide repeat for the F13B locus. *Nucleic Acids Res* 1992; 20: 1167.
19. Polymeropoulos MH, Rath DS, Xiao H, Merrill CR. Tetranucleotide repeat polymorphism at the human c-fes/fps proto-oncogene (FES). *Nucleic Acids Res* 1991; 19: 4018.
20. Butler JM, Shen Y, McCord BR. The development of reduced size STR amplicons as tools for analysis of degraded DNA. *J. Forensic Sci* 2003; 48: 1054-64.
21. Sanguinetti CJ, Dias Neto E, Simpson AJ. Rapid silver staining and recovery of PCR products separated on polyacrylamide gels. *Biotechniques* 1994; 17: 914-21.
22. Pacek P, Sajantila A, Syvanen AC. Determination of allele frequencies at loci with length polymorphisms by quantitative analysis of DNA amplified from pooled samples. *PCR Methods Appl* 1993; 2: 313-7.
23. Li CC. First Course. In: Population Genetics. Pacific Grove, CA: The Boxwood Press; 1976.
24. Lewis PO, Zaykin D. Genetic Data Analysis: computer program for the analysis of allelic data, version1.0 (d16c), free program distributed by the authors over the Internet from 2001. Disponible en: <http://hydrodictyon.eeb.uconn.edu/people/plewis/software.php>. [Acceso: enero de 2008].
25. Tereba A. Tools for Analysis of Population Statistics. Profiles in DNA, Promega Corp.; 1999.
26. Miller MP. A program for the analysis of contingency tables R x C Department of Biological Sciences Northern Arizona University, Box 5640; 1997.
27. Lisker R. Estructura genética de la población mexicana: Aspectos médicos y antropológicos. México: Salvat Mexicana de Ediciones; 1981.
28. Chakraborty R. Multiple alleles and estimation of genetic parameters: Computational equations showing involvement of all alleles. *Genetics* 1992; 130: 231-4.
29. Schneider HR, Rand S. High-resolution vertical PAGE: an alternative electrophoretic system with multiple forensic applications. *Int J Legal Med* 1996; 108: 276-9.
30. Rangel-Villalobos H, Rivas F, Torres-Rodríguez M, Jaloma-Cruz AR, Gallegos-Arreola MP, Lopez-Satow J, et al. Allele frequency distribution of six Amp-FLPs (D1S80, APO-B, VWA, TH01, CSF1PO and HPRTB) in Mexican population. *Forensic Sci Int* 1999; 105: 125-9.
31. Gill P, Whitaker J, Flaxman C, Brown N, Buckleton J. An investigation of the rigor of interpretation rules for STRs derived from less than 100 pg of DNA. *Forensic Sci Int* 2000; 112: 17-40.
32. Haddad AP, Sparrow RL. The short tandem repeat locus VWF2 in Intron 40 of the von Willebrand factor gene consists of two polymorphic sub-loci. *Forensic Sci Int* 2001; 119: 299-304.
33. Padilla-Gutierrez JR, Valle Y, Quintero-Ramos A, Hernandez G, Rodarte K, Ortiz RO, Olivares N, Rivas F. Population data and mutation rate of nine Y-STRs in a mestizo Mexican population from Guadalajara, Jalisco, Mexico. *Leg Med (Tokyo)* 2008; 10: 319-20.
34. Hernandez-Gutierrez S, Hernández-Franco P, Martínez-Tripp S, Ramos-Kuri M, Rangel-Villalobos H. STR data for 15 loci in a population sample from the central region of Mexico. *Forensic Sci Int* 2005; 151: 97-100.
35. Kang L, Li S. Allele frequencies of 15 STR loci of Luoba ethnic group in Tibet (Southwestern China). *Forensic Sci Int* 2005; 155: 219-21.
36. Chan KM, Chiu CT, Tsui P, Wong DM, Fung WK. Population data for the Identifier 15 STR loci in Hong Kong Chinese. *Forensic Sci Int* 2005; 152: 307-9.
37. Kozioł P, Ciesielska M, Madro R, Krajka A. Genetic data on 19 STR loci in south-east Poland. *Forensic Sci Int* 2004; 139: 89-92.
38. Barbarii LE, Rolf B, Constantinescu C, Hohoff C, Calistrut P, Dermengiu D. Allele frequencies of 13 short tandem repeat (STR) loci in the Romanian population. *Forensic Sci Int* 2004; 141: 171-4.
39. Gorodesky C, Alaez C, Vazquez-Garcia MN, De la Rosa G, Infante E, Balladares S, et al. The genetic structure of Mexican mestizos of different locations: Tracking back their origins through MHC genes, blood group systems, and microsatellites. *Hum Immunol* 2001; 69: 979-91.

*Reimpresos:*

**Dr. Antonio Quintero-Ramos**

Laboratorio de Inmunología,  
Departamento de Fisiología,  
Centro Universitario de Ciencias de la Salud,  
Universidad de Guadalajara.  
Sierra Mojada 950, Edificio P, 2do Nivel.  
Col. Independencia,  
44340, Guadalajara, Jal.  
Tel.: 33-1058-5200, Ext. 3640  
Correo electrónico: antquintero@yahoo.com.mx

*Recibido el 20 de junio de 2008.  
Aceptado el 6 de abril de 2009.*