

Genética Poblacional Del Cromosoma "Y" En El Estado De Zacatecas, México

Vallín-Reza, Eréndira Julieta; Trejo-Medinilla, Flor de María

Unidad Académica de Ciencias Químicas, Programa Académico Químico Farmacéutico Biólogo. Universidad Autónoma de Zacatecas, Área Ciencias de la Salud.

Correspondencia:

✉ tmedinillafm@yahoo.com.mx

Resumen

Las distribuciones de frecuencias alélicas y datos poblacionales para 16 repeticiones cortas en tandem del cromosoma Y incluidas en PowerPlex Systems (Promega) y AmpFISTR Yfiler (Applied Biosystems) fueron obtenidos de una muestra de 130 individuos varones sanos no relacionados de la población de Zacatecas (región centro-norte de México). Un total de 130 haplotipos fueron identificados, de los cuales 127 fueron únicos y 3 haplotipos diferentes. El locus DYS385 a/b tuvo más diversidad génica (0.9172) y la diversidad de haplotipo fue de 99.994%. Sobre la frecuencia alélica, el alelo 13 de DYS392 fue el más frecuente con 0.7384. Los STRs analizados tienen un poder de discriminación de 97.69%. Un análisis a la par confirmó que nuestra población es muy similar con poblaciones españolas.

Palabras clave: ADN, frecuencias alélicas, Zacatecas (México), STR, haplotipos, PCR

Populations Genetics of "Y" Chromosome in the State of Zacatecas, Mexico.

Abstract

Allele frequency distributions and population data for 16 Y-chromosome short tandem repeats (STRs) included in the PowerPlex Y Systems (Promega) and AmpFISTR Yfiler (Applied Biosystems) were obtained from a sample of 130 healthy unrelated males living in Zacatecas (north-central region of Mexico). A total of 130 haplotypes were identified, of which 127 were unique and 3 were different haplotypes. The DYS385 a/b locus had more gene diversity (0.9172) and the haplotype diversity was 99.94%. As for allelic frequency, the allele 13 from DYS393 was more frequent with 0.7384. The STRs analyzed have a discrimination power of 97.69%. Pairwise analysis confirmed that our population is very similar with Spanish populations.

Key words: deoxyribonucleic acid (DNA), allelic frequency, Zacatecas (Mexico), short tandem repeat (STR), haplotypes, polymerase chain reaction (PCR)



This article is available from:
www.archivosdemedicina.com

Introducción

A lo largo de la historia, siempre ha existido un gran interés por conocer la identidad de los individuos. Identificar a una persona, establecer su individualidad, es determinar aquellos rasgos o conjunto de cualidades que la distinguen de todas las demás y que hacen que sea ella misma. Todos los individuos de la especie humana son idénticos entre sí en un 99.5% de su ADN y sólo en el 0.5% restante (~10 millones de nucleótidos) residen las diferencias entre unos y otros y que nos hacen seres únicos (salvo en el caso de gemelos univitelinos que son genéticamente idénticos). Dentro de esta pequeña proporción de ADN distintivo existen regiones hipervariables o polimórficas que son las que nos permiten usar la información genética con fines de identificación [1, 2, 3, 4].

La tipificación de STR del cromosoma Y ha sido una herramienta de gran importancia en análisis forenses [5]. Recientemente, la comisión de ADN de la Internacional Society for Forensic Genetics (ISFG) ha publicado guías con recomendaciones sobre el uso de polimorfismos de Y-STRs en identificación humana y análisis de parentescos [6]. De igual manera, en México [7] se ha iniciado con la elaboración de bases de datos que den soporte a los análisis forenses que se han estado llevando a cabo a nivel Judicial y Federal. Nuestro análisis es un esfuerzo para colaborar en la creación de bases de datos que apoyen los resultados emitidos de genética forense en nuestro estado.

La genética forense ha revolucionado en los últimos años gracias a las técnicas de biología molecular, en especial por el descubrimiento de las regiones hipervariables, la introducción de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y la electroforesis capilar. Esto ha permitido el estudio y la medición de la variabilidad genética a nivel molecular y han supuesto una de las mayores innovaciones, especialmente en aspectos relacionados con la investigación de personas o restos cadavéricos, análisis de vestigios biológicos en criminalística e investigación biológica de paternidad [8, 9].

Los microsatélites poseen una herencia mendeliana simple, lo que significa que un individuo hereda uno de los alelos de cada progenitor. En el caso de los STRs del cromosoma Y, estos son heredados de padre a hijo (varón) mas no a la hija. Los marcadores utilizados en análisis patrilíneo en regiones de no recombinación son transmitidos en bloque a los descendientes varones [10, 11].

Material y métodos

Muestras

La recolección de muestras se realizó mediante hisopado bucal y sangre utilizando tarjetas FTA® [Whatman]. Las muestras eran secadas a temperatura ambiente, se guardaron y etiquetaron para ser llevadas al laboratorio de genética donde se guardaron en refrigeración a -20°C hasta su extracción donde se utilizó una resina quelante llamada Chelex® [BIO-RAD].

Análisis del ADN

Se amplificaron de manera simultánea 11 locis del kit comercial PowerPlex (DYS389I, DYS390, DYS389II, DYS19, DYS385a/b, DYS393, DYS391, DYS439, DYS392, DYS437, DYS438) en 89 muestras; en las 41 muestras restantes de utilizó el kit Y-filer de AppliedBiosystems amplificando 5 loci más (DYS456, DYS458, DYS635, Y GATA H4, DYS448). En la PCR para el kit Y-filer se utilizaron los siguientes reactivos: 3 µl de ADN, 4.75 µl de Buffer 10X, 2.5 µl de primer, 0.25 µl de Taq Polimerasa y como diluyente 1.5 µl de agua desionizada. Para el kit PowerPlex la concentración de los reactivos fue 1.5 µl de ADN, 1.2 µl de primer, 1.2 µl de Buffer, 0.2 µl de Taq Polimerasa y como diluyente 9.4 µl de agua desionizada estéril. Las etapas en el amplificación en el termociclador consistieron de la incubación inicial (95°C-11min), desnaturalización (94°C-1min), alineación (61°C-1min), extensión (72°C-1min), extensión final (60°C-80min). Después de que las muestras fueron amplificadas se procede a separar el ADN utilizando un secuenciador automático ABIPrims3130 de Applied Biosystems que funciona a través de la electroforesis capilar. La muestra a analizar es preparada con 9.7 µl formamida, 0.3 µl LIZ (marcador interno) y 1 µl de muestra amplificada.

Análisis de datos

Las frecuencias alélicas y haplotípicas fueron obtenidas por conteo de alelos. La diversidad haplotípica fue calculada con la ecuación de Nei: $h = n(1 - \sum P_i) / n - 1$, donde «n» es el total de haplotipos y «Pi» es la frecuencia alélica. También determinamos la diversidad génica de cada marcador utilizando la fórmula $1 - \sum P_i$ y el poder de discriminación para determinar la precisión de nuestros resultados y lo obtuvimos dividiendo el total de haplotipos diferentes entre el total de haplotipos [12, 13].

Resultados

En primer lugar se determinó las frecuencias alélicas de cada marcador y la diversidad génica en cada uno de ellos y, posteriormente, las frecuencias haplotípicas así como su diversidad genética que pueden ser observadas en las **tablas 1 y 2**. Los haplotipos de la población son enlistados de manera completa en la **tabla 9** al final de este artículo.

Se enlista en la **tabla 3** las frecuencias alélicas del marcador DYS385a/b el cual es el que contiene una mayor diversidad génica.

De las 130 muestras analizadas se obtuvieron 127 haplotipos diferentes. El valor de diversidad génica fue mayor en el marcador DYS385 a/b con un 0.9172 (91.722%), y en cuanto a frecuencia alélica el alelo más frecuente fue el 13 del marcador DYS393 con un 0.7384 (73.84%). La diversidad haplotípica fue de 99.94%. El poder de discriminación fue 97.69%. El estudio comparativo con algunos países españoles nos muestra que no hay grandes diferencias entre las frecuencias de nuestra población con las de poblaciones españolas.

Tabla 1. Frecuencias alélicas de 16 loci Y-STR (n = 130).

Alelo	DYS456	DYS389I	DYS390	DYS389II	DYS458	DYS19	DYS393	DYS391
7								0
8							0.0076	0
9							0	0.0384
10		0				0	0	0.5692
11		0				0.0076	0.0230	0.3538
12		0.1384				0	0.1153	0.0307
13	0.02439	0.6076				0.3307	0.7384	0
14	0.07317	0.2461			0.0243	0.4538	0.1153	
15	0.4390	0.0076			0.0975	0.1384	0	
16	0.3414				0.2682	0.0384	0	
17	0.1219				0.3685	0.0307		
18	0		0		0.1951	0		
19			0		0.0487	0		
20			0.0076		0			
21			0.0076					
22			0.0461					
23			0.2230					
24			0.6153	0				
25			0.0846	0				
26			0.0153	0.0076				
27			0	0.0076				
28				0.1384				
29				0.3615				
30				0.3153				
31				0.1230				
32				0.0461				
33				0				
DG	0.6699	0.5510	0.5620	0.7333	0.7437	0.6630	0.4275	0.5484

DG=Diversidad génica

Tabla 2. Frecuencias alélicas de 16 loci Y-STR (n = 130).

Alelo	DYS439	DYS635	DYS392	Y GATA H4	DYS437	DYS448	DYS438
7			0				
8	0		0	0		0.0230	
9	0		0	0		0.0538	
10	0.0615		0	0.0243		0.2076	
11	0.3923		0.2076	0.3170		0.2692	
12	0.4153		0.0461	0.1923		0.4230	
13	0.1307		0.4384	0.0153	0.0230	0.0230	
14	0		0.1923		0.5384		
15	0		0.0615		0.3923		
16			0.0538		0.0461		
17			0		0		0.0243
18			0				0.1219
19							0.4390
20		0.0487					0.2926
21		0.0307					0.0975
22		0.3170					0.0243
23		0.3902					0
24		0.1463					0
25		0					
26		0					
DG	0.6527	0.7225	0.7189	0.8617	0.5535	0.6961	0.7015

DG=Diversidad génica

Tabla 3. Frecuencias alélicas para el marcador *DYS385a/b*

Alelos	Contados	Frecuencia	Alelos	Contados	Frecuencia
10-15	1	0.0076	14-16	6	0.0461
11-13	3	0.0230	14-17	4	0.0307
11-13.2	1	0.0076	14-18	6	0.0461
11-14	33	0.2538	14-19	2	0.0153
11-15	6	0.0461	14-20	2	0.0153
11-16	2	0.0153	14-23	1	0.0076
12-13	2	0.0153	15-16	5	0.0384
12-14	6	0.0461	15-17	3	0.0230
12-15	2	0.0153	15-18	2	0.0153
12-16	1	0.0076	15-19	2	0.0153
13-14	4	0.0307	15-20	3	0.0230
13-15	1	0.0076	15-21	1	0.0076
13-16	1	0.0076	16-17	7	0.0538
13-17	3	0.0230	16-19	1	0.0076
13-18	2	0.0153	17-18	1	0.0076
13-19	1	0.0076	17-19	1	0.0076
14-15	2	0.0153			

Diversidad génica: 0.9172

Estudio comparativo con otras poblaciones

Los resultados obtenidos en nuestra población fueron comparadas utilizando 4 marcadores (DYS19, DYS389II, DYS390, DYS393) con los datos publicados de algunas poblaciones españolas (catalana, vasca y gallega) [14].

Hemos detectado un mayor número de alelos en nuestra población, siendo el más común el alelo 14, al igual que para gallegos, catalanos y vascos. Los alelos menos representados son el 10, 18 y 19 ya que no aparecieron en ninguna de las poblaciones. Así como el alelo 11 y 17 que sólo aparecen una vez. Posiblemente la diferente distribución de alelos en nuestra población respecto a las citadas se deba al tamaño de la muestra.

Tabla 4. Frecuencias alélicas del marcador DYS19 en las diferentes poblaciones estudiadas.

	Zacatecas	Galicia	Cataluña	P. Vasco
n	130	93	25	52
Alelo 10	0	0	0	0
Alelo 11	0.0076	0	0	0
Alelo 12	0	0	0	0
Alelo 13	0.3307	0.1613	0.0400	0.0770
Alelo 14	0.4538	0.6236	0.8000	0.7890
Alelo 15	0.1384	0.1398	0.1600	0.0960
Alelo 16	0.0384	0.0645	0	0.0380
Alelo 17	0.0307	0.0107	0	0
Alelo 18	0	0	0	0
Alelo 19	0	0	0	0

Tabla 5. Frecuencias alélicas del marcador DYS389II de las diferentes poblaciones estudiadas.

	Zacatecas	Galicia	Cataluña	P. Vasco
n	130	116	31	56
Alelo 24	0	0.0176	0	0.0180
Alelo 25	0	0.1380	0.0650	0.1980
Alelo 26	0.0076	0.5259	0.5800	0.3930
Alelo 27	0.0076	0.1983	0.2260	0.3390
Alelo 28	0.1384	0.1034	0.1290	0.0180
Alelo 29	0.3615	0.0086	0	0.0360
Alelo 30	0.3153	0.0086	0	0
Alelo 31	0.1230	0	0	0
Alelo 32	0.0461	0	0	0
Alelo 33	0	0	0	0
Alelo 34	0	0	0	0

Gráfico 1. Comparación de frecuencias alélicas del marcador DYS19 entre población zacatecana y poblaciones españolas.

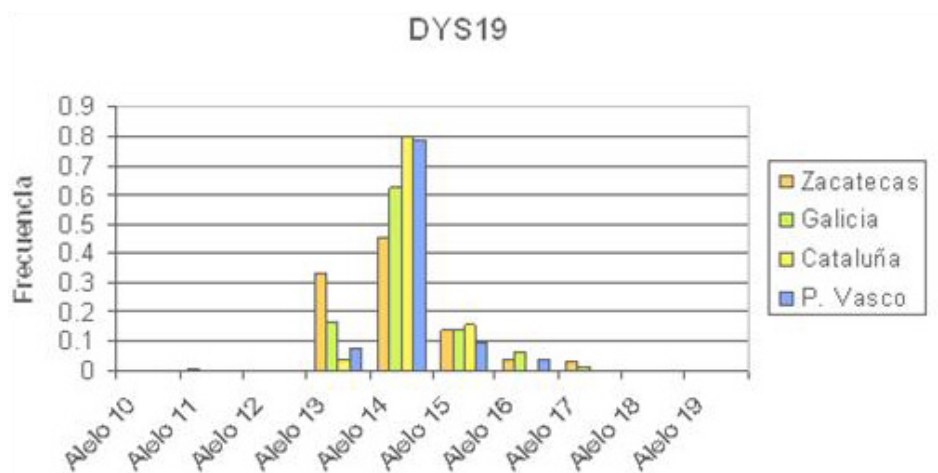


Gráfico 2. Comparación de frecuencias alélicas del marcador DYS389II entre población zacatecana y poblaciones españolas.

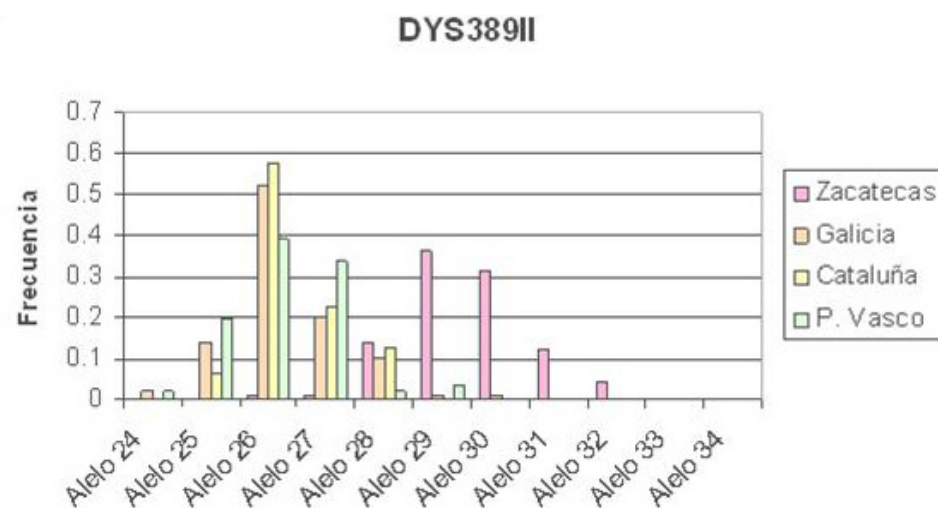


Tabla 6. Frecuencias alélicas del marcador DYS390 de las diferentes poblaciones estudiadas.

	Zacatecas	Galicia	Cataluña	P. Vasco
n	130	116	29	53
Alelo 18	0	0	0	0
Alelo 19	0	0	0	0
Alelo 20	0.0076	0	0	0
Alelo 21	0.0076	0.0259	0	0
Alelo 22	0.0461	0.0345	0.0690	0
Alelo 23	0.2230	0.2672	0.1720	0.1700
Alelo 24	0.6153	0.5345	0.6900	0.7730
Alelo 25	0.0846	0.1379	0.0690	0.0570
Alelo 26	0.0153	0	0	0
Alelo 27	0	0	0	0

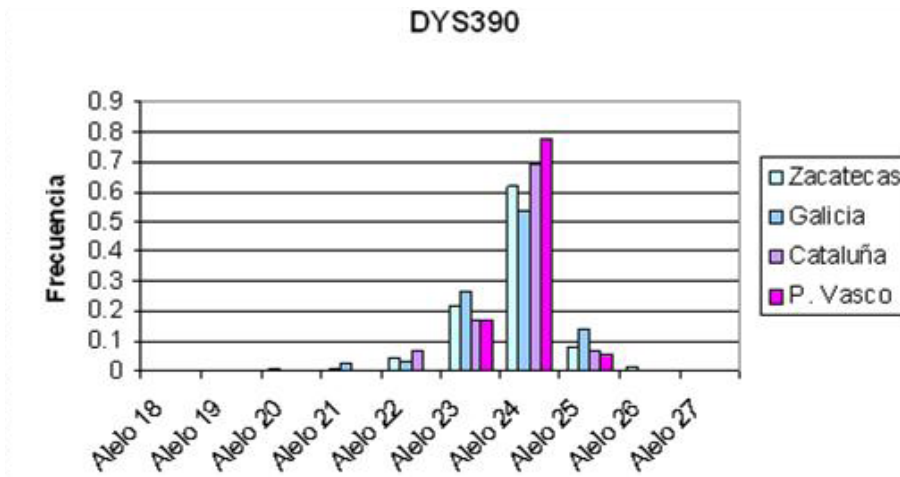


Gráfico 3. Comparación de frecuencias alélicas del marcador DYS390 entre población zacatecana y poblaciones españolas.

Tabla 7. Frecuencias alélicas del marcador DYS393 de las diferentes poblaciones estudiadas.

	Zacatecas	Galicia	Cataluña	P. Vasco
n	130	116	32	42
Alelo 8	0.0076	0	0	0
Alelo 9	0	0	0	0
Alelo 10	0	0	0	0
Alelo 11	0.0230	0.0086	0	0
Alelo 12	0.1153	0.1380	0.0630	0.0710
Alelo 13	0.7354	0.7327	0.8120	0.8340
Alelo 14	0.1153	0.1035	0.1250	0.0950
Alelo 15	0	0.0172	0	0
Alelo 16	0	0	0	0

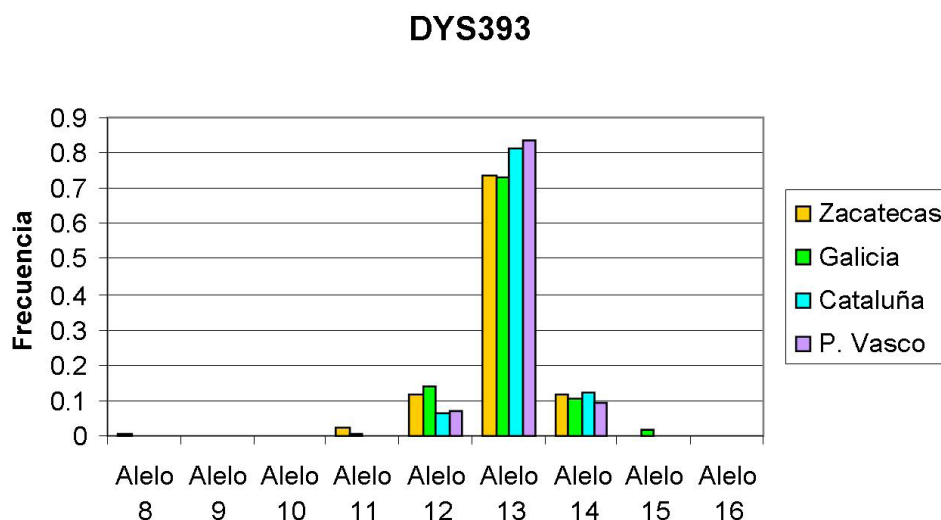


Gráfico 4. Comparación de frecuencias alélicas del marcador DYS393 entre población zacatecana y poblaciones españolas.

Hemos encontrado 7 alelos en nuestra población. El alelo más común es el 29, mientras que en las demás poblaciones estudiadas el alelo más común es el 26.

En este marcador hemos hallado 7 alelos en nuestra población, número que se reduce para gallegos, vascos y catalanes. El más frecuente es el alelo 24, dato compartido con las demás poblaciones.

No hemos encontrado diferencias significativas para este sistema al compararlo con la población zacatecana.

Para este marcador, en nuestra población hemos observado 5 alelos, siendo más común el alelo 13 en las cuatro poblaciones estudiadas.

Discusión

Los marcadores ubicados en el cromosoma masculino resultan de gran utilidad en el establecimiento de vínculos biológicos de parentesco y en la investigación de crímenes sexuales con una obvia limitación: todos los individuos de la misma línea paterna compartirán idéntica información en estos haplotipos, por lo cual no será posible desvincular individuos relacionados por vía paterna de la posible existencia de vínculo de parentesco o filiación si sólo analizamos marcadores presentes en este cromosoma. En consecuencia, las evidencias deberán ser, en todos los casos, evaluadas también mediante marcadores autosómicos. Cuando en criminalística, por ejemplo, se analiza el ADN de una mancha de sangre encontrada en el lugar del delito y se requiere compararla con el ADN de un sospechoso es necesario conocer cual es la frecuencia en la población de los haplotipos encontrados para que, en caso de que coincidan, pueda darse un valor de probabilidad de que esa mancha de sangre procede de dicho sospechoso.

Obviamente, estudiar todos los haplotipos de una población es imposible, por lo que se toma una muestra representativa ($n > 100$) y se analiza en ella las frecuencias de los alelos de los diferentes marcadores que serán utilizados para la identificación genética. Por tanto, las frecuencias génicas obtenidas en un estudio poblacional no son valores exactos sino estimaciones con un margen de error.

Aplicación estadística en un caso forense: a propósito de un caso

Estadística con haplotipos de Y-STR

En el caso de los marcadores Y-STR, la regla del producto basado en la multiplicación de las frecuencias alélicas a través

de los marcadores no puede ser aplicada. La frecuencia del haplotipo Y-STR es comúnmente determinada por el método de conteo. Suponiendo que hay una base de datos poblacional de tamaño n con la cuenta de la base de datos x para un haplotipo particular. La frecuencia del haplotipo puede ser estimada por la proporción de la muestra, cuando $x > 0$, $\hat{p} = x/n$,

Un intervalo de confianza de límite superior puede ser colocado en una frecuencia de perfiles usando:

$$P + 1.96 \sqrt{\frac{p(1-p)}{N}}$$

En casos donde el perfil no ha sido observado en una base de datos, el límite superior sobre el intervalo de confianza es: $1 - \alpha^{1/N}$. Donde α es el coeficiente de coincidencia (0.05 para 95% de intervalo de confianza) y N es el número de individuos en la base de datos.

El haplotipo obtenido de las muestras problema obtenidas de la menor y el obtenido del C. fueron verificados contra la base de datos de referencia de haplotipos del cromosoma Y en www.YHRD.org [15] y en la base de datos del haplotipo del sistema de amplificación AmpLFSTR Y Filer en www.appliedbiosystems.com/yfilerdatabase [16]. Posteriormente se determinó la frecuencia de tal haplotipo de acuerdo a la fórmula anteriormente mencionada.

Resultados

Tabla de resultados mostrando diecisiete loci STR encontrados en el cromosoma Y al ser analizadas las fracciones masculinas obtenidas de la lisis diferencial durante la extracción de ADN. Teniendo como muestra de referencia el hisopado de la cavidad oral.

Resultados obtenidos al introducir los datos en la base de datos de la compañía AppliedBiosystems.

- 7 loci haplotype (DYS19, DYS389I, DYS389II, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393): 89237 haplotypes
- 9 loci haplotype (+ DYS385a/b): 87440 haplotypes
- 11 loci haplotype (+ DYS438, DYS439): 59735 haplotypes
- 12 loci haplotype (+ DYS437): 39348 haplotypes
- 17 loci haplotype (+ DYS448, DYS456, DYS458, DYS635, YGATAH4): 27531 haplotypes.

Resultados obtenidos al comparar el haplotipo en la base de datos YHRD.

- África: Se han encontrado 0 haplotipos de 1243 en 19 poblaciones

- Oceanía / Australia: Se han encontrado 0 haplotipos de 0 en 0 poblaciones.
- Europa: Se han encontrado 0 haplotipos de 6007 en 40 poblaciones.
- Ártico: Se han encontrado 0 haplotipos de 0 en 0 poblaciones.
- Asia: Se han encontrado 0 haplotipos de 13041 en 79 poblaciones.
- America Latina: Se han encontrado 0 haplotipos de 3984 en 40 poblaciones.
- Norte America: Se han encontrado 0 haplotipos de 3256 en 4 poblaciones.

Frecuencia del haplotipo observado: El haplotipo no fue observado en las bases de datos utilizadas, sin embargo, la frecuencia para este caso en particular es de 0.19% ó 1 en 500.

Interpretación forense de los resultados

Los polimorfismos del cromosoma Y (STRs) aplicados al análisis criminalístico, presentan la ventaja de proporcionar información adicional sobre la presencia de ADN de varón en manchas forenses, particularmente en casos de violación y

asalto sexual, en los que este análisis ofrece una nueva aproximación. La principal utilidad de estos sistemas se encuentra en los casos de muestras con mezclas de células masculinas y femeninas. Contrariamente a lo que sucede en los sistemas autosómicos, una elevada cantidad de ADN femenino no inhibe la amplificación de los alelos del cromosoma Y permitiendo obtener un perfil específico de ADN del asaltante.

Para interpretar el significado de una correspondencia entre muestras tipificadas genéticamente, es necesario conocer la distribución de la población de los alelos de cada locus en cuestión. Si el genotipo de la muestra de evidencia relevante es diferente del genotipo de la muestra de referencia del sospechoso, entonces el sospechoso es "excluido" como el donador de la muestra biológica estudiada. Una exclusión es independiente de la frecuencia de los dos genotipos en la población.

Si las muestras del sospechoso y la evidencia tienen el mismo genotipo, entonces el sospechoso es "incluido" como la posible fuente de la muestra de evidencia. La probabilidad de que otro individuo no relacionado corresponda a la muestra de la evidencia es estimada por la frecuencia de ese genotipo en la población relevante.

Tabla 8. Perfil genético obtenido en las diferentes muestras analizadas.

Marcadores Genéticos	Muestras			
	Hisopado introito vaginal (liq. seminal)	Hisopo exudado introito anal (liq seminal)	Líquido hemático (acusado)	Células epiteliales cavidad oral (acusado)
<i>BDY456</i>	16	16	16	16
<i>BDYS389I</i>	12	12	12	12
<i>DYS390</i>	24	24	24	24
<i>DYS389II</i>	31	31	31	31
<i>DYS458</i>	18	18	18	18
<i>DYS19</i>	13	13	13	13
<i>DYS385a/b</i>	14,16	14,16	14,16	14,16
<i>DYS393</i>	13	13	13	13
<i>DYS391</i>	10	10	10	10
<i>DYS439</i>	12	12	12	12
<i>DYS635</i>	24	24	24	24
<i>DYS392</i>	16	16	16	16
<i>Y GATA H4</i>	11	11	11	11
<i>DYS437</i>	14	14	14	14
<i>DYS438</i>	11	11	11	11
<i>DYS448</i>	ND	ND	ND	ND

Nd: no determinado

Análisis de resultados

Se realizó la comparación de las muestras en cuestión encontrando que las muestras obtenidas de la menor y las muestras de referencia del **C.** tienen el mismo genotipo, por lo tanto el perfil del **C.** está **INCLUIDO** como posible fuente de las muestras problema obtenidas de la menor. La probabilidad de que otro individuo no relacionado corresponda a la muestra de la evidencia es estimada por la frecuencia de ese genotipo en la población relevante, encontrando que esta es de 0.19%, es decir, la probabilidad de que otro individuo tenga el mismo haplotipo es de 1 en 500.

Se realizó el análisis estadístico de esta muestra comparándola con los datos obtenidos en nuestro estudio, y se obtuvieron los siguientes resultados:

Haplotipo

DYS456-----16
 DYS389I-----12
 DYS390-----24
 DYS389II-----31
 DYS458-----18
 DYS19-----13

DYS385a/b----14,16
 DYS393-----13
 DYS391-----10
 DYS439-----12
 DYS635-----24
 DYS392-----16
 Y GATA H4---11
 DYS437-----14
 DYS438-----11
 DYS448----ND

Coincidencias en nuestra base de datos

- PowerPlexY (12 loci) - 0 coincidencias en 88
- YFiler (17 loci) - 0 coincidencias en 42

Hubo 0 coincidencias en un total de 130 individuos, de los 58 municipios del estado de Zacatecas.

Cálculos de Frecuencia

En casos donde el perfil no ha sido observado en la base de datos y el intervalo de confianza es:

$$\alpha^{1/N} \text{ 0 coincidencias en 130}$$

$$1 - \alpha^{1/N} = 1 - (0.05)^{[1/130]} = 0.00227 = 0.227\%$$

La principal característica que se observó al analizar todas las muestras no se amplifica el marcador DYS448 debido a que el individuo presenta una mutación en el cromosoma Y que pudo ser heredada u ocasionada por alguno de los factores mutagénicos presentados anteriormente y esto hace que tenga una mayor probabilidad de discriminación en comparación con otras muestras.

Conclusiones

PRIMERA: Se analizaron 130 muestras de las cuales se obtuvieron 127 haplotipos diferentes y se repitieron 3 haplotipos, lo que indica que en la población zacatecana sí existe diversidad de haplotipos ya que solo el 2% de las muestras se repiten y pudiera deberse a algún parentesco desconocido entre los individuos.

SEGUNDA: Los marcadores utilizados en el estudio fueron DYS456, DYS389I, DYS390, DYS389II, DYS458, DYS19, DYS385a/b, DYS393, DYS391, DYS439, DYS635, DYS392, Y-GATA-H4, DYS437, DYS438, DYS448 y los valores que obtuvimos son la diversidad génica que fue mayor en el marcador DYS385 a/b con un 0.9172 (91.722%). Los alelos más frecuentes fueron el 13 del marcador DYS393 con un 0.7384 (73.84%), el 24 del marcador DYS390 con un 0.6153 (61.53%) y el 13 del marcador DYS389I con un 0.6076 (60.76%).

TERCERA: El estudio comparativo con algunas regiones españolas nos muestra que no hay grandes diferencias con nuestra población y esto puede deberse a que los mexicanos somos descendientes de los españoles y que a lo largo de los años no han habido cambios significativos en el ADN del cromosoma Y.

CUARTA: Dada la importancia que en genética forense supone la búsqueda de nuevos polimorfismos de ADN con un alto poder de discriminación y cuyo análisis sea rápido y sencillo, podemos afirmar que los loci analizados en este trabajo cumplen todos los requisitos necesarios para su aplicación en identificación humana y que son una poderosa herramienta para su en identificación humana.

Agradecimientos

Este trabajo fue particularmente apoyado por el Laboratorio de Genética Forense de la Procuraduría General de Justicia del Estado de Zacatecas, y al apoyo de la Procuraduría General de la República.

Referencias

1. Blanco AJ. Linajes del cromosoma Y humano; Aplicaciones genético-poblacionales y forenses. Universidad de Santiago de Compostela: Servizo de Publicacións e Intercambio Científico, 2008. Tesis
2. Butler MJ. Forensic DNA Typing. 2da Edición. Burlington USA. Ed Elsevier. (2005).
3. Cal Teba ML. Análisis de polimorfismos del ADN microsatélite del cromosoma Y. Estudio de la población de Galicia y aplicaciones forenses. Universidad de Santiago Compostela. julio 2000. Tesis
4. Cook LM. Genética de Poblaciones. Barcelona. Ediciones Omega, S.A. 1979.
5. Fernández F. Análisis de 15 loci tipo short tandem repeats (STR) en la población de Paraguay para su uso en identificación forense. Departamento de Medicina Legal, Toxicología y Psiquiatría. Universidad de Granada. Marzo 2008. Tesis
6. Jürgen H, Henke L, Chatthopadhyay P, Kayser M, Dülmer M, Cleef S, et al. Application of Y-chromosomal STR Haplotypes to Forensic Genetics. Croatian Med J.2001; 42(3):292-297,2001.
7. Guardado M, Queipo G, Meraz-Ríos M, Berumen-Campos J. Diversidad genética en la población mexicana: Utilización de marcadores de ADN. Hospital General de México. Medigraphic Artemeni Isina. Jul-sep 2008; 71 (3):162 – 174.
8. Penacino G. Análisis de ADN: 12 Marcadores del Cromosoma Masculino en la Investigación Criminal. Unidad de Análisis de ADN. Colegio Oficial de Farmacéuticos y Bioquímicos de Capital Federal, y Sociedad Latinoamericana de Genética Forense (SLAGF). Informédica J. 2004.
9. Rodríguez R. La huella genética en Medicina Legal. ADN con fines forenses (Monografía de Internet). Medicina Forense y Legal. Genética. 2007. Disponible de: <http://www.portalesmedicos.com/publicaciones/articulos/643/1/La-huella-genetica-en-Medicina-Legal-ADN-con-fines-forenses.html>
10. Butler MJ, Kline C, Decker AD. Addressing Y-chromosome STR Allele Nomenclature. J Genetic Gen.2008; 4(2):125-148.
11. Butler MJ. Genetics and Genomics of Core Short Tandem Repeat Loci Used in Human Identity Testing. J Forensic Sci. Mar 2006. 51(2).
12. Gusma L, Butler MJ, Carracedo A, Gill P, Kayser K, et al. DNA Commission of the International Society of Forensic Genetics (ISFG): an update of the recommendations on the use of Y-STRs in forensic analysis. Forensic Sci Int. 2006; 157: 187–197.
13. Kam Fun W, Yue-Qing H. Statistical DNA Forensics. Theory, Methods and Computation. England. Wiley. 2008
14. Martínez Esther. Análisis y comparación del 16 loci STR en cromosoma Y de varios grupos poblacionales (apellidados Colón o no apellidados Colón) en la cuenca noreste mediterránea. Universidad de Granada Facultad de Medicina Departamento de Medicina Legal. Mayo 2008. Tesis
15. Y Chromosome Haplotype Reference Database (YHRD). [base de datos de Internet]. Actualizado 28 mar 2012. Dsponible en: <http://www.yhrd.org/>
16. Applied Biosystems. YFiler Haplotype Database. [Base de datos de Internet]. Dsponible en: <http://www6.appliedbiosystems.com/yfilerdatabase/>

Follow us:



Medicalia.org

Where Doctors exchange clinical experiences, review their cases and share clinical knowledge. You can also access lots of medical publications for free. Join Now!

<http://medicalia.ning.com/>

Publish with iMedPub

<http://www.imedpub.com>

- ✓ Es una revista en español de libre acceso.
- ✓ Publica artículos originales, casos clínicos, revisiones e imágenes de interés sobre todas las áreas de medicina.

Archivos de Medicina

- ✓ Se hace bilingüe.

Para la verión en inglés los autores podrán elegir entre publicar en Archives of Medicine:

<http://www.archivesofmedicine.com>

o International Archives of Medicine:

<http://www.intarchmed.com>

Material complementario

Tabla 9. Haplotipos completos de cada una de las muestras estudiadas.

No.	Contados	Haplotipo																Frecuencia
		DYS456	DYS389I	DYS390	DYS389II	DYS458	DYS19	DYS385a/b	DYS393	DYS391	DYS439	DYS635	DYS392	Y GATA H4	DYS437	DYS438	DYS448	
1	1	16	13	24	29	16	14	11	13	11	11	24	13	12	15	12	19	0.00769
2	1	14	13	23	28	18	15	12	13	10	12	20	11	12	15	10	20	0.00769
3	1	17	13	24	31	16	13	14,17	13	10	11	22	14	11	13	13	20	0.00769
4	1	15	14	24	29	16	14	13,17	12	9	11	20	11	10	14	10	20	0.00769
5	1	16	14	24	30	17	14	11,14	13	11	12	23	13	11	14	12	18	0.00769
6	1	16	12	22	28	17	15	12,15	14	10	11	21	11	12	15	10	21	0.00769
7	1	17	13	24	29	16	15	11,14	11	10	11	23	13	12	15	12	18	0.00769
8	1	15	13	24	29	18	15	13,14	13	11	11	23	15	12	15	13	19	0.00769
9	1	14	13	23	28	17	17	12,13	13	10	11	22	11	12	15	10	22	0.00769
10	1	16	13	24	29	14	15	13,16	12	9	11	21	11	12	14	9	21	0.00769
11	1	16	13	24	29	16	14	11,14	13	11	11	23	14	13	15	12	19	0.00769
12	1	14	13	23	28	17	17	12	13	10	12	22	11	11	14	10	21	0.00769
13	1	17	13	24	32	18	13	13	13	10	12	22	12	12	14	10	19	0.00769
14	1	15	12	24	29	17	13	14,16	13	10	11	22	15	13	14	11	19	0.00769
15	1	15	12	22	29	16	13	14,16	13	10	10	22	16	11	14	11	20	0.00769
16	1	15	13	24	31	17	15	11,14	14	11	12	24	13	12	15	12	17	0.00769
17	1	15	14	24	30	17	14	11,14	13	11	13	23	13	12	15	12	19	0.00769
18	1	15	13	24	29	16	15	11,14	11	10	11	23	13	12	15	12	18	0.00769
19	1	15	13	25	28	17	14	11,13	12	10	12	24	13	12	15	12	19	0.00769
20	1	17	13	25	30	15	14	14,16	13	10	12	22	16	12	14	12	19	0.00769
21	1	16	13	24	29	17	14	13,18	14	10	11	22	14	11	15	11	21	0.00769
22	1	16	13	23	29	15	16	15,16	14	10	11	21	13	11	15	8	19	0.00769
23	1	13	12	24	28	16	15	13,19	12	11	13	21	11	11	16	9	20	0.00769
24	1	15	13	25	29	17	14	11,13	12	10	11	24	13	12	15	12	19	0.00769
25	1	15	14	23	30	18	14	12,14	12	11	12	23	13	12	15	12	19	0.00769
26	1	15	14	23	30	17	14	11,14	13	11	12	23	13	11	15	12	18	0.00769
27	1	16	13	24	31	18	13	13,17	13	10	12	22	12	12	14	10	19	0.00769
28	1	17	13	24	29	18	14	11,14	13	11	11	23	13	12	15	12	19	0.00769
29	1	15	13	23	29	19	15	15,19	12	10	12	24	11	11	14	9	20	0.00769
30	1	16	13	23	30	16	13	17,18	13	10	11	22	11	12	13	10	20	0.00769
31	1	16	13	24	30	18	13	15,20	13	11	12	22	14	12	14	11	19	0.00769
32	1	15	13	25	29	17	14	10,15	13	11	11	23	13	12	14	12	18	0.00769
33	1	16	12	24	29	19	13	14,18	13	10	12	23	13	11	14	13	20	0.00769
34	1	16	13	24	29	16	14	11,15	13	11	12	23	13	12	15	12	19	0.00769
35	1	15	12	23	28	17	13	14,18	14	10	12	22	13	12	14	11	19	0.00769
36	1	15	12	21	28	15	15	15,16	8	16	10	22	12	11	16	10	20	0.00769
37	1	16	13	23	29	18	14	11,14	13	11	11	23	13	11	15	12	19	0.00769
38	1	15	13	24	29	17	14	16	13	10	12	23	14	11	14	11	20	0.00769
39	1	15	12	24	28	16	14	11,14	13	11	10	24	13	12	15	12	19	0.00769
40	1	15	14	24	32	17	14	12,14	13	10	10	23	11	12	15	11	20	0.00769
41	1	16	13	24	29	15	17	11,16	13	10	10	23	11	12	15	11	20	0.00769
42	1		13	24	29		14	11,14	14	10	12		13		15	12		0.00769

43	1		14	24	31		14	11,14	13	10	12		13		14	12		0.00769
44	1		14	23	30		14	12,14	13	10	12		13		16	12		0.00769
45	1		13	23	29		13	16,17	13	10	13		15		14	11		0.00769
46	1		14	24	30		14	16,17	13	11	12		14		14	10		0.00769
47	1		13	23	30		14	13,15	12	10	12		11		14	10		0.00769
48	1		14	20	31		14	17,19	14	10	12		11		14	10		0.00769
49	1		12	22	29		15	14,15	14	10	11		11		15	10		0.00769
50	1		13	24	31		13	13,18	13	10	11		14		14	12		0.00769
51 y 54	2		13	24	29		14	11,14	13	11	11		13		14	12		0.01538
52	1		14	25	30		14	11,15	13	11	12		13		14	12		0.00769
53 y 107	2		13	24	29		14	11,14	13	11	12		13		14	12		0.01538
55	1		13	24	29		14	11,14	13	11	10		13		15	12		0.00769
56	1		13	24	29		13	13,14	13	9	11		11		14	10		0.00769
57	1		13	24	30		15	13	12	10	13		11		15	9		0.00769
58	1		13	24	30		13	16,19	12	10	12		13		14	11		0.00769
59	1		14	23	30		14	11	13	12	13		13		15	12		0.00769
60	1		12	24	26		15	12,14	13	11	10		13		15	12		0.00769
61	1		13	24	29		14	11,13	12	11	13		13		15	12		0.00769
62	1		14	24	30		14	11,14	13	11	11		13		15	12		0.00769
63	1		14	24	30		16	15	14	11	12		12		15	8		0.00769
64	1		14	24	30		14	11,14	13	11	13		13		15	12		0.00769
65	1		12	24	29		15	12,16	13	10	12		13		15	10		0.00769
66	1		13	24	29		14	11,14	13	10	11		13		15	12		0.00769
67	1		13	24	29		14	11,14	13	10	13		13		15	12		0.00769
68	1		15	24	31		13	15,16	13	11	11		14		14	11		0.00769
69	1		13	24	28		13	14,18	12	10	11		12		14	10		0.00769
70	1		13	25	30		16	11,16	13	10	11		11		14	11		0.00769
71	1		13	24	29		14	11,14	13	10	11		14		15	12		0.00769
72	1		12	24	28		13	15,18	13	9	11		13		15	11		0.00769
73	1		13	24	30		13	15,20	13	11	12		14		14	11		0.00769
74	1		13	24	29		13	15,20	13	10	13		14		14	11		0.00769
75	1		14	23	30		14	15,17	13	10	12		14		14	8		0.00769
76	1		14	24	30		15	11,14	13	10	12		13		14	12		0.00769
77	1		12	23	28		14	11,14	13	11	11		14		14	12		0.00769
78	1		13	23	31		13	14,17	13	12	11		15		14	11		0.00769
79	1		13	24	28		14	11,14	12	10	13		14		14	12		0.00769
80	1		14	24	30		14	11,15	13	10	11		13		14	12		0.00769
81	1		13	23	30		13	16	13	10	12		11		15	10		0.00769
82	1		14	24	29		15	11,14	12	11	11		13		15	12		0.00769
83	1		13	24	29		14	11,15	13	11	13		13		16	12		0.00769
84	1		13	24	29		14	11,14	13	11	11		13		15	12		0.00769
85	1		13	23	28		17	12,13	13	10	11		11		15	10		0.00769
86	1		13	25	31		13	14,19	13	10	12		15		14	11		0.00769
87	1		13	24	29		13	15,18	13	10	12		14		14	12		0.00769
88 y 113	2		14	24	30		14	11,14	13	11	12		13		14	12		0.01538
89	1		13	24	30		13	15,17	13	10	12		16		14	12		0.00769
90	1		13	24	31		13	14,19	12	11	13		16		14	11		0.00769
91	1		13	23	29		14	14,17	13	10	11		14		14	11		0.00769
92	1		13	24	29		13	15,16	13	10	11		15		14	11		0.00769
93	1		14	23	30		14	11,14	13	10	11		13		15	11		0.00769
94	1		14	24	30		13	13,14	13	9	10		11		14	10		0.00769
95	1		13	22	30		14	12,15	13	10	11		11		14	9		0.00769
96	1		13	22	31		13	13,17	13	10	12		14		14	11		0.00769

97	1		13	24	30		13	14,16	13	11	13		16		14	12		0.00769
98	1		13	24	29		14	15,16	13	10	12		14		14	11		0.00769
99	1		13	24	30		13	15,21	13	11	12		14		14	11		0.00769
100	1		14	24	31		13	14,18	13	11	11		15		14	11		0.00769
101	1		13	24	30		13	16	13	10	11		11		14	10		0.00769
102	1		14	26	32		13	14,20	13	10	12		15		14	11		0.00769
103	1		13	25	30		13	14,20	13	10	13		14		14	11		0.00769
104	1		14	24	30		13	16,17	14	10	12		16		14	11		0.00769
105	1		12	24	28		15	16,17	13	10	13		11		16	9		0.00769
106	1		13	23	29		14	11,14	13	11	12		13		15	12		0.00769
108	1		14	23	31		13	14,15	13	10	11		16		14	11		0.00769
109	1		13	24	30		13	14,16	13	10	12		14		14	11		0.00769
110	1		14	24	30		14	11,15	13	11	11		13		15	10		0.00769
111	1		12	22	28		14	13,14	13	10	11		11		16	10		0.00769
112	1		14	24	32		14	11,13,2	13	11	11		13		15	12		0.00769
114	1		12	23	28		13	14,18	14	10	13		13		14	11		0.00769
115	1		14	24	30		13	12,14	13	11	11		13		15	12		0.00769
116	1		14	24	31		16	14,16	13	10	11		13		14	9		0.00769
117	1		13	24	29		14	11,14	13	12	12		13		15	12		0.00769
118	1		13	26	29		14	12,14	13	11	12		13		14	12		0.00769
119	1		13	23	32		13	16,17	13	10	12		11		14	10		0.00769
120	1		14	25	31		13	14,17	14	10	11		14		14	11		0.00769
121	1		13	25	32		14	16,17	14	10	12		11		13	10		0.00769
122	1		13	24	30		13	14,18	13	10	12		14		14	11		0.00769
123	1		13	25	29		14	14	14	12	12		13		14	12		0.00769
124	1		12	23	27		16	12	13	10	12		11		15	10		0.00769
125	1		13	23	31		13	16,17	13	10	11		14		14	11		0.00769
126	1		13	23	29		15	15,17	14	10	12		12		15	10		0.00769
127	1		12	23	28		14	11,14	13	11	12		13		15	12		0.00769
128	1		13	24	30		11	15,19	11	10	13		13		14	10		0.00769
129	1		13	24	30		13	14,23	13	10	12		14		14	11		0.00769
130	1		13	24	30		14	11,15	13	11	11		13		15	12		0.00769