

CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE LA POBLACIÓN HUMANA DE LOS DEPARTAMENTOS DE BOYACÁ, NORTE DE SANTANDER Y SANTANDER MEDIANTE LOCI STR'S.

LEMUS, N. M.¹, BUSTOS, I.², VARGAS, C. I.³

¹ Estudiante Tesis de Maestría en Genética Humana.

Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia.

² Unidad de Paternidad, Instituto de Genética,

Universidad Nacional de Colombia. (UPIGUN). ibustos@cable.net.co

³ Profesora Asociada de la Escuela de Medicina. Facultad de Salud.

Universidad Industrial de Santander.

OBJETIVO GENERAL

Determinar la validez para estudios de paternidad de los loci STRs. D3S1358, vWa, FGA, TH01, TPOX, CSF1P0, D5S818, D13S1317, D7S820, en los departamentos de Boyacá, Norte de Santander y Santander.

MATERIALES Y MÉTODOS

La información genética de nueve STRs (D3S1358, vWa, FGA, TH01, TPOX, CSF1P0, D5S818, D13S1317, D7S820), obtenida de casos de paternidad previamente estudiados, de los departamentos de Boyacá, Santander y Norte de Santander fue analizada. 49 parejas no relacionadas entre sí fueron analizadas en los dos primeros departamentos, y 50 parejas en el último.

Los STRs fueron estudiados por PCR, electroforesis capilar usando el ABI PRISM 310. Para la asignación alélica se utilizó el software GeneScan (versión 2.1) y el software Genotyper (versión 1.1.1). Las frecuencias genotípicas y alélicas fueron determinadas por el método del conteo directo; posibles desviaciones del EHW se basaron en la pruebas de Chi-cuadrado y pruebas exactas de Fisher. El grado de variación genética en cada población fue establecido conociendo la frecuencia de los genotipos heterocigotos. Posibles desequilibrios entre loci fueron detectados por la prueba de Chi-cuadrado de bondad de ajuste. Comparación de poblaciones parentales mediante prueba de Chi-cuadrado usando tabla de contingencia de 2xN. Se calculó la probabilidad de exclusión "a priori" y el poder de exclusión acumulado (PEA), la probabilidad de discriminación por sistema y acumulado (PDA) para cada departamento. Distancias genéticas entre poblaciones fueron establecidas por la distancia Euclidiana. El análisis de conglomerados por el método de Neighbor-joining.

RESULTADOS

Las frecuencias génicas de los sistemas analizados son semejantes en las poblaciones estudiadas. Los sistemas TPOX y D3S1358 mostraron desequilibrio genético en las poblaciones de Boyacá y Norte de Santander respectivamente. El género masculino presentó más desequilibrios genéticos que el femenino. Heterocigosidades superiores a 60% fueron observadas en los STRs en las tres poblaciones. Conjuntamente los nueve sistemas presentaron poderes de exclusión y discriminación suficientemente elevados, dejando ver su utilidad en casos de paternidad y forense

CONCLUSIONES

Este estudio permite tener una idea global de la composición genética de los sistemas STRs analizados en las poblaciones de Boyacá, Norte de Santander y Santander. Deben ser usados con precaución los sistemas TPOX en Boyacá y D3S1358 en Norte de Santander en los casos de paternidad ya que se encuentran en desequilibrio genético. Por el contrario los nueve STRs estudiados pueden ser incluidos en pruebas de paternidad en Santander.