



Técnicas de análisis de ADN para reconocimiento post-mortem, una alternativa biotecnológica

Abigail Nicanor Gaspar 

Estudiante de Licenciatura en Biotecnología, Facultad de Ciencias Biológicas, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, Puebla, México.

*Email: abigailnicnor98@gmail.com

19 de julio de 2024

DOI: <http://doi.org/10.5281/zenodo.12786333>

Editado por: Jesús Muñoz-Rojas (Instituto de Ciencias, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla).

Revisado por: Guadalupe Rocha Bonilla (Colegio Euro Liceo, S. C., Puebla, México. Prepa en línea-SEP, México).

Apoyo en la maquetación: Luz del Carmen Cortés Reyes (Estudiante de Bioquímica Clínica, Universidad de las Américas Puebla, Puebla, México).

Colección de ESMOS

Resumen

Existen múltiples investigaciones donde puede ser necesaria la aplicación de las ciencias forenses. Estas incluyen la participación de varias ramas científicas como son: la física, la química, la medicina, la biología,

biotecnología, etc. Pero su principal objetivo es el reconocimiento, la identificación y la evaluación de pruebas físicas para procedimientos legales. La reacción en cadena de polimerasa (PCR) permite amplificar más de un millón de veces un ADN obtenido a partir de una región seleccionada del genoma, analizando un determinado número de regiones polimórficas, la probabilidad de que dos individuos sean genéticamente iguales es prácticamente nula. Por ello, puede utilizarse como prueba para ayudar a condenar a un sospechoso de un delito, o para absolver a una persona inocente. Se hace uso de muestras tomadas en el lugar del delito o de los sospechosos, que normalmente son sangre, pelo o fluidos corporales, así se obtiene un perfil de ADN que puede compararse con otros perfiles si es que se cuenta con una base de datos. De este modo, se pueden descubrir conexiones entre distintos lugares del delito, entre personas y lugares del delito. Además, el ADN puede utilizarse para identificar a víctimas de catástrofes, localizar a personas desaparecidas e incluso precisar la procedencia de mercancías objeto de tráfico como marfil o madera. Las repeticiones cortas en tándem del cromosoma X(X-STR) son utilizadas en la identificación forense y en pruebas de parentesco biológico. Actualmente existen varios estudios en los X-STR, sin embargo, el panel incluye varios marcadores del mismo grupo de ligamiento. Al incluir marcadores de diferente grupo de ligamiento la prueba es más eficiente. En el presente trabajo se presenta un estudio de cinco loci X-STR para su aplicación en estudios genéticos forenses en población mestiza del occidente de México. Se tipificaron cinco loci X-STR en 379 muestras de individuos del occidente de México mediante PCR, geles de poliacrilamida al 7% y tinción con plata. Se estimaron las frecuencias alélicas y haplotípicas, así como los parámetros forenses. En los resultados los datos combinados mostraron un poder de discriminación de 0.999389 y 0.99995 en hombres y mujeres respectivamente. La combinación de la probabilidad media de exclusión fue 0.9998797 para casos de tríos y 0.990701 para dúos. En el sistema Decaplex, sistema usado en diversos reportes, se pueden consultar valores de discriminación en mujeres de 99.9999% y en hombres de 99.9998%, los cuales son resultados muy cercanos al obtenido en el estudio, demostrando que con utilizar solo cinco loci se pueden obtener datos altamente informativos para uso en pruebas forenses. Esta ponencia se basó en las referencias [1-9].

Palabras clave: PCR; perfil; X-STR; marcadores; forense.

<https://sites.google.com/view/esmosbuap/esmos-2024/esmos-87>

Referencias

- [1]. Bobillo C, Sala A, Gusmão L, Corach D. Genetic analysis of 10 XSTRs in Argentinian population. *Forensic Science International. Genetics*. 2011; 5(1): e14–16. Disponible en: <http://doi.org/10.1016/j.fsigen.2009.11.005>
- [2]. Buckleton JS, Bright J-A, Taylor D. *Forensic DNA Evidence Interpretation*, Second Edition. CRC Press, 2005.
- [3]. Chambers GK, MacAvoy ES. Microsatellites: consensus and controversy. *Comparative Biochemistry and Physiology. Part B, Biochemistry & Molecular Biology*. 2000; 126(4): 455–476. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S030504910002339?via%3Dihub>
- [4]. Chen L, Guo Y, Xiao C, Wu W, Lan Q, Fang Y, *et al.* Genetic polymorphisms and forensic efficiency of 19 X-chromosomal STR loci for Xinjiang Mongolian population. *PeerJ*. 2018; 3(6):e5117. Disponible en: <https://peerj.com/articles/5117/>
- [5]. Cortés-Trujillo I, Ramos-González B, Salas-Salas O, Zuñiga-Chiquette F, Zetina Hernández A, Martínez-Cortés G, *et al.* Forensic efficiency parameters of the Investigator Argus X-12 kit in women from two Mestizo and seven Amerindian populations from Mexico. *Legal Medicine (Tokyo, Japan)*. 2017; 26, 62–64. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1344622317301013?via%3Dihub>
- [6]. Diegoli TM, Linacre A, Coble MD. Population genetic data for 15 X chromosomal short tandem repeat markers in three U.S. populations. *Forensic Science International. Genetics*. 2014; 8(1): 64–67. Disponible en: <http://doi.org/10.1016/j.fsigen.2013.07.008>

[7]. Di Santo Meztler GP, Glesmann LA, Esteban ME, Del Palacio S, Méndez MG, Catanesi CI. Comparative Study of 10 XSTR Markers in Populations of Northeast Argentina. Human Biology. 2019; 91(1): 9–20. Disponible en: <https://muse.jhu.edu/article/749300>

[8]. Doležel J, Vrána J, Safář J, Bartoš J, Kubaláková M, Simková H. Chromosomes in the flow to simplify genome analysis. Functional & Integrative Genomics. 2012; 12(3), 397–416. Disponible en: <http://doi.org/10.1007/s10142-012-0293-0>

[9]. ENCODE Project Consortium. An integrated encyclopedia of DNA elements in the human genome. Nature. 2012; 489(7414): 57–74. Disponible en: <http://doi.org/10.1038/nature11247>

Esmos 87