

## RESULTADOS CONTROL SLAGF 2005

### Laboratorios participantes:

35 (treinta y cinco)

### Detalle:

Argentina (14 laboratorios)

Colombia (4)

Brasil (3)

México (3)

Perú (3)

Uruguay (2)

Costa Rica (2)

Venezuela (2)

Cuba (1)

Honduras (1)

### Resultados obtenidos:

Entregaron resultados: 31 laboratorios (89 %)

Se logró consenso en 34 marcadores, todos ellos microsatélites (ver al final):  
21 autosómicos, amelogenina, y 12 Y-STRs.

Efectúan análisis de cromosoma Y: 9 laboratorios (29 %), 8 mediante  
secuenciador y 1 por PAGE.

### Tipificación:

Todo correcto: 25 laboratorios (80,6%)

Con un error: 2 laboratorios (6,5%)

Con más de un error: 4 laboratorios (12,9%)

Error total en la tipificación: se analizaron 546 STRs, con 11 errores (2,01%).
---

### Automatización:

Disponen de secuenciador automático: 24 laboratorios (77,4 %)

Sólo emplean sistemas manuales (PAGE): 7 laboratorios (22,6%)

### Uso de kits comerciales para sistemas automatizados:

De quienes disponen de secuenciador, emplean:

PARA MARCADORES AUTOSOMICOS (total: 24 lab)

PowerPlex 16 (Promega): 12 laboratorios (50,0%)

Identifiler (Applied): 9 laboratorios (37,5%)

Ambos: 2 laboratorios (8,3%)

Ninguno: 1 laboratorio (4,2%)

PARA MARCADORES DE CROMOSOMA Y (total: 8 lab)

PowerPlex Y (Promega): 7 laboratorios (87,5%)

Ninguno: 1 laboratorio (12,5%)

### INTERPRETACION ESTADISTICA DE LOS RESULTADOS

#### Conclusiones de la opción 2:

24 laboratorios responden correctamente respecto a la inclusión del sospechoso M1 en la mezcla M3 (77,4%).

6 laboratorios no contestan este ítem (19,4%).

1 laboratorio no encuentra la muestra M1 en la mezcla (3,2%).

#### Conclusiones de la opción 3:

11 laboratorios responden considerando el Índice Avuncular (35,5%).

10 laboratorios no consideran el Índice Avuncular (32,3%).

9 laboratorios no contestan este ítem (29,0%).

1 laboratorio discrepa en los resultados respecto del resto (3,2%).

## RESULTADOS "CORRECTOS" (consenso tres o más laboratorios)

**OPCION 1: (se coloca entre paréntesis, al lado de cada marcador, la cantidad de laboratorios que lo analizaron).**

### MARCADORES AUTOSOMICOS

<b>Marcador</b>	<b>M1</b>	<b>M2</b>	<b>M3</b>
D8S1179 (25)	13-15	13-15	13-15
D21S11 (24)	31.2-31.2	32.2-33.2	29-30-31.2
D7S820 (31)	10-11	11-12	10-11
CSF1PO (31)	11-12	10-13	10-11-12
D3S1358 (24)	18-18	15-15	15-18
TH01 (31)	9-9.3	7-9	7-9-9.3
D13S317 (31)	8-12	14-14	8-11-12
D16S539 (31)	11-11	9-10	10-11
D2S1338 (12)	17-21	22-23	17-20-21-23
D19S433 (11)	14-14.2	12-15.2	13-14-14.2-15
VWA (31)	17-18	15-17	16-17-18
TPOX (31)	8-8	11-11	8-8
D18S51 (21)	13-18	17-17	13-14-18
D5S818 (24)	11-14	11-12	11-12-14
FGA (24)	25-25	24-25	19-25-26
PENTA E (14)	12-20	17-21	12-15-20
PENTA D (14)	9-11	10-13	9-10-11
AMELOG (24)	XY	XY	XY
FESFPS (9)	10-11	11-12	10-11-12-14
LPL (6)	10-12	11-12	10-12
F13B (7)	8-8	8-9	8-9-10
F13 A01 (6)	4 -14	5-7	4-7-14

### MARCADORES DE CROMOSOMA MASCULINO (Y)

<b>Marcador</b>	<b>M1</b>	<b>M2</b>	<b>M3</b>
DYS391 (8)	10	9	10
DYS389 I (8)	13	14	13
DYS439 (7)	11	10	11
DYS389 II (8)	31	30	31
DYS438 (7)	10	10	10
DYS437 (7)	14	14	14
DYS19 (8)	13	13	13
DYS392 (8)	11	11	11
DYS393 (7)	13	13	13
DYS390 (9)	24	24	24
DYS385 (7)	16/17	13/14	16/17

## **OPCION 2:**

1) La mancha hallada en la escena del crimen (muestra 3) contiene material biológico atribuible al sospechoso 1 (muestra 1) y a otro individuo, probablemente de sexo femenino.

2) El sospechoso 2 (muestra 2) puede excluirse como aportante a la muestra 3.

**Nota:** debe incluirse un cálculo estadístico que evalúe el impacto de la coincidencia entre M1 y M3, considerando que esta última es una mezcla. Los resultados varían ampliamente según los marcadores analizados por cada laboratorio.

## **OPCION 3:**

### **CALCULOS SIN INCLUIR Y-STRS**

$H_1$ : PA es el padre de H

$H_0$ : Un individuo no relacionado es el padre de H

$$IP = H_1 / H_0$$

$$\underline{IP = 204,8}$$

*Indice avuncular*

$H_1$ : PL es el padre de H

$H_0$ : Un individuo no relacionado es el padre de H

$$IA = H_1 / H_0$$

$$IA = (1 - 2\theta) + 2\theta IP$$

En donde  $\theta$  es 1/8 para medio hermanos

$$\underline{IA = 8,4}$$

Marcador	Genotipo Padre Aleg	Genotipo Hijo	Frecuencias de Alelos a y b	Formula IP	Indice de Paternidad	Indice Avuncular
D8S1179	12-13	12-13	0,185 0,305	(0,25/a)+(0,25/b)	2,171	1,293
D18S51	13-17	13-14	0,132	0,25/a	1,894	1,223
D3S1358	17-17	15-17	0,215	0,5/a	2,326	1,331
VWA	16-18	14-16	0,2	0,25/a	1,250	1,063
D16S539	9-11	10-11	0,321	0,25/a	0,779	0,945
TH01	6-9,3	8-9,3	0,368	0,25/a	0,679	0,920
FGA	20-22	19-22	0,219	0,25/a	1,142	1,035
D5S818	12-13	12-13	0,384 0,141	(0,25/a)+(0,25/b)	2,424	1,356
D13S317	9-11	9-9	0,075	0,5/a	6,667	2,417
D7S820	10-12	10-12	0,243 0,166	(0,25/a)+(0,25/b)	2,535	1,384
CSF1PO	10-12	11-12	0,361	0,25/a	0,693	0,923
PP parcial	99,5141		<b>IP/IA parciales</b>	<b>24,304</b>	<b>IP parcial 204,802236</b>	<b>IA parcial 8,42659183</b>

$$LR = \frac{IP}{IA} = \frac{\text{Prob. de que PA sea el padre de H}}{\text{Prob. de que PL sea el padre de H}}$$

**LR= 24,3**

#### CALCULOS CON Y-STRS

El LR varía debido a que en la base de datos [www.yhrd.org](http://www.yhrd.org) existen múltiples opciones de búsqueda, pero se encuentra entre 210 y 300, que puede multiplicarse por el IP obtenido mediante los marcadores autosómicos o bien señalarse la coincidencia como “probabilidad de pertenencia a la misma línea paterna”. No existen criterios uniformes al respecto a nivel mundial y ello se refleja en los resultados de nuestro control de calidad.

## RESULTADOS “CORRECTOS”

Ante la dispersión de criterios, se considerarán como “correctos” los cálculos sin considerar el Índice Avuncular (IP: 204,8), considerando el IA (IP: 24,3); y las combinaciones posibles con o sin marcadores de cromosoma Y.

**NOTA:** el Laboratorio nro. 1 agregó el siguiente comentario:

“Queremos agradecer esta posibilidad de contar con controles de calidad gratuitos ya que en algunas instituciones es difícil acceder a fondos como para financiar un control de calidad. Es por esto, y por la simpleza en la forma de actuar de los participantes de la Sociedad Latinoamericana de Genética Forense que queremos agradecer el esfuerzo que están realizando. Muchas gracias saludamos a todos muy atte.”