

RESULTADOS CONTROL SLAGF 2006

Laboratorios participantes:

42 (cuarenta y dos)

Detalle:

Argentina (13)

Colombia (6)

México (4)

Venezuela (4)

Brasil (3)

Perú (3)

Uruguay (2)

Costa Rica (2)

Cuba (1)

Ecuador (1)

España (1)

Honduras (1)

San Salvador (1)

Resultados obtenidos:

Entregaron resultados: 36 laboratorios (86 %)

Se logró consenso en 40 marcadores, todos ellos microsatélites (ver al final): 21 autosómicos, amelogenina, HPRTB y 17 Y-STRs.

Efectúan análisis de cromosoma Y: 19 laboratorios (52,8 %).

Tipificación:

Todo correcto: 29 laboratorios (80,6%)

Con un error: 5 laboratorios (13,9%)

Con más de un error: 2 laboratorios (5,5%)

Error total en la tipificación:

Se analizaron 803 STRs, con 18 errores (2,24%), que se distribuyen en:

Marcadores autosómicos: 16 errores de 568 STRs (2,82%)

Marcadores de cromosoma Y: 2 errores de 235 STRs (0,85%)

Automatización:

Disponen de secuenciador automático: 28 laboratorios (77,8 %)
Sólo emplean sistemas manuales (PAGE): 8 laboratorios (22,2%)

Uso de kits comerciales para sistemas automatizados:

De quienes disponen de secuenciador, emplean:

PARA MARCADORES AUTOSOMICOS (total: 28 lab)

PowerPlex 16 (Promega): 11 laboratorios (39,3%)

Identifiler (Applied): 9 laboratorios (32,1%)

Ambos: 8 laboratorios (28,6%)

PARA MARCADORES DE CROMOSOMA Y (total: 19 lab)

PowerPlex Y (Promega): 9 laboratorios (47,3%)

YFiler (Applied): 8 laboratorios (42,1%)

Ambos: 1 laboratorio (5,3%)

Ninguno: 1 laboratorio (5,3%)

INTERPRETACION ESTADISTICA DE LOS RESULTADOS

Conclusiones de la opción 2:

28 laboratorios responden correctamente respecto a la no coincidencia de M1 y M2 con M3 (77,8%).

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

1 laboratorio contesta incorrectamente, efectuando un cálculo estadístico cuyo resultado le permite concluir que ambos sospechosos (M1 y M2) pueden haber aportado a la M3 (2,8%).

Conclusiones de la opción 3:

21 laboratorios responden correctamente (58,3%).

12 laboratorios no contestan este ítem (33,3%).

3 laboratorios discrepan en los resultados (8,3%).

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).

Tipificación de las tres muestras, que corresponden a:

M1: sospechoso “1”

M2: sospechoso “2”

M3: saliva colectada de mordedura en el cuerpo de una víctima de abuso sexual.

MARCADORES AUTOSOMICOS + HPRTB

MARCADOR	M1	M2	M3
Amelogenin (29)	X,Y	X,Y	X,Y
CSF1PO (36)	10,13	10,12	12,12
D13S317 (36)	10,14	8,10	13,14
D16S539 (36)	12,14	12,12	12,12
D18S51 (28)	15,19	15,15	13,15
D21S11 (28)	30,30	29,30	29,31
D3S1358 (29)	16,17	16,17	15,17
D5S818 (28)	12,12	11,12	13,13
D7S820 (36)	10,11	10,12	7,8
D8S1179 (29)	10,13	8,13	13,14
FGA (28)	20,23	19,23	22,22
Penta_D (19)	9,10	9,10	10,13
Penta_E (20)	7,17	7,17	11,18
TH01 (36)	9,9	9,9.3	7,9
TPOX (36)	8,12	8,12	8,11
vWA (36)	15,20	15,20	15,19
D2S1338 (16)	18,24	18,24	20,23
D19S433 (17)	15,15.2	14,15	14,15
F13A01 (10)	5,6	5,6	3,2,5
FES (10)	11,12	10,11	12,13
F13B (11)	10,10	10,10	6,10
LPL (10)	11,11	11,12	10,11
HPRTB (4)	14	14	14

MARCADORES DE CROMOSOMA Y

MARCADOR	M1	M2	M3
DYS 391 (18)	10	10	10
DYS 389I (18)	13	13	13
DYS 439 (18)	12	12	12
DYS 389II (17)	29	29	29
DYS 438 (18)	12	12	12
DYS 437 (17)	15	15	15
DYS 19 (19)	14	14	14
DYS 392 (18)	13	13	13
DYS 393 (18)	13	13	12

DYS 390 (19)	23	23	24
DYS 385 (18)	11,14	11,14	11,14
DYS 456 (7)	15	15	15
DYS 458 (8)	18	18	18
DYS 635 (7)	23	23	23
Y_GATA_H4 (8)	12	12	12
DYS 448 (7)	19	19	20

OPCION 2:

CONCLUSION del estudio de las tres muestras:

La saliva colectada de mordedura en el cuerpo de una víctima de abuso sexual (M3) contiene material biológico atribuible a un único individuo, de sexo masculino, cuyo patrón genético no coincide con ninguno de los sospechosos (M1 y M2).

(Además, M1 y M2 eran hermanos entre sí, aunque la determinación de este vínculo no formaba parte del requerimiento).

OPCION 3: CALCULO TEORICO

Determinar el INDICE y PROBABILIDAD DE HERMANDAD de H1 respecto de H2:

Marcador	H1	H2	Marcador	H1	H2
D8S1179	12-13	12-1	D5S818	12-13	12-13
D18S51	13-17	13-1	D13S317	9-11	9-9
D3S1358	17-17	15-1	D7S820	10-12	10-12
VWA	16-18	14-1	CSF1PO	10-12	11-12
D16S539	9-11	10-1	DYS 19	14	14
THO1	6-9.3				