

RESULTADOS CONTROL SLAGF 2008

Laboratorios participantes:

51 (cincuenta y uno)

Detalle:

Argentina (13)

México (9)

Colombia (7)

Brasil (5)

Venezuela (5)

Costa Rica (3)

Ecuador (2)

Perú (1)

Uruguay (1)

Chile (1)

Cuba (1)

España (1)

El Salvador (1)

Nicaragua (1)

Resultados obtenidos:

Entregaron resultados: 42 laboratorios (82,3%)

Se logró consenso en 40 marcadores, todos ellos microsatélites (ver al final): 22 autosómicos, amelogenina, y 17 Y-STRs.

Efectúan análisis de cromosoma Y: 24 laboratorios (57,1 %).

Tipificación:

Todo correcto: 34 laboratorios (81,0%)

Con un error: 3 laboratorios (7,1%)

Con más de un error: 5 laboratorios (11,9%)

Error total en la tipificación:

Se analizaron 1023 STRs, con 10 errores (0,98%), que se distribuyen en:

Marcadores autosómicos: 7 errores de 698 STRs (1,00%)

Marcadores de cromosoma Y: 3 errores de 325 STRs (0,92%)

Automatización:

Disponen de secuenciador automático: 39 laboratorios (92,9%)

Sólo emplean sistemas manuales (PAGE): 3 laboratorios (7,1%)

Uso de kits comerciales para sistemas automatizados:

De quienes disponen de secuenciador, emplean:

PARA MARCADORES AUTOSOMICOS (total: 39 lab)

Identifiler (Applied): 15 laboratorios (38,5%)
PowerPlex 16 (Promega): 15 laboratorios (38,5%)
Ambos: 8 laboratorios (20,5%)
Ninguno: 1 laboratorio (2,5%)

PARA MARCADORES DE CROMOSOMA Y (total: 24 lab)

YFiler (Applied): 14 laboratorios (58,3%)
PowerPlex Y (Promega): 9 laboratorios (37,5%)
Ninguno: 1 laboratorio (4,2%)

INTERPRETACION DE LOS RESULTADOS

Respuesta a las preguntas ¿Existe vínculo de hermandad completa (mismo padre y misma madre) entre las muestras M1, M2 y M3?

(las 3 muestras correspondían a individuos NO RELACIONADOS BIOLOGICAMENTE)

25 laboratorios responden correctamente (59,5%).
6 laboratorios responden pero no justifican apropiadamente (se considera justificación al cálculo de Índice y/o Probabilidad de Hermandad) (14,3%).
11 laboratorios no contestan (26,2%)

Conclusiones de la opción 3 (cálculo estadístico teórico de INDICE y PROBABILIDAD de HERMANDAD):

17 laboratorios responden correctamente (40,5%).
10 laboratorios cometen errores en el cálculo de alguno de los IH parciales (23,8%)
1 laboratorio no coincide en el método de cálculo de IH (2,4%).
14 laboratorios no contestan este ítem (33,3%).
De los laboratorios que contestaron correctamente, solamente 3 (17,6%) incluyeron el cromosoma Y en el cálculo de IH, el resto (82,4%) lo menciona como un ítem separado.
Ambos métodos se consideraron correctos por cuanto no existen recomendaciones específicas de sociedades internacionales al respecto.

RESULTADOS "CORRECTOS" (consenso tres o más laboratorios)

PROBLEMAS A RESOLVER

1 y 2) Ejercicio práctico: determinar si existe vínculo de hermandad entre 3 individuos, aportantes de las muestras sanguíneas sobre papel de filtro identificadas como M1, M2 y M3. Como "opción 1" se requiere tipificar las muestras eligiendo libremente los marcadores a analizar, de acuerdo a las posibilidades del participante, y como "opción 2", indicar si existe vínculo de hermandad.

3) Ejercicio teórico: determinar si existe vínculo de hermandad entre 2 individuos, SH1 y SH2, cuyos patrones genéticos se detallan.

OPCION 1:

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

MARCADORES AUTOSOMICOS + Amel

MARCADORES	MUESTRAS ANALIZADAS		
	M1	M2	M3
D8S1179 (39)	13,14	13	10
D21S11 (39)	31,2,33,2	30,32,2	28,29
D7S820 (41)	11,12	8,10	12,13
CSF1PO (42)	10,11	11	11
D3S1358 (39)	16,18	15,17	15,17
TH01 (42)	6,9,3	6	7,9,3
D13S317 (41)	11	9,13	10,11
D16S539 (41)	9,13	9	9,11
D2S1338 (24)	18,19	21,25	20,25
D19S433 (24)	13	14	14,14,2
vWA (42)	16	14,15	14,16
TPOX (42)	8,9	8,11	8
D18S51 (39)	14,15	13,14	12,14
AMEL (39)	X,Y	X,Y	X,X
D5S818 (39)	10,12	12	10
FGA (38)	19,25	21,23	24
Penta E (25)	11,17	11,17	11
Penta D (24)	11,15	9,13	9,11
LPL (10)	9,12	11,12	10,12
F13B (10)	9	8	8,10
FES (10)	10,11	11	10
F13A01 (8)	7	3,2,7	5,7

Los laboratorios realizaron un total de 698 análisis de marcadores de STRs autosómicos.

CROMOSOMA "Y"

MARCADORES	MUESTRAS ANALIZADAS	
	M1	M2
DYS456 (13)	15	16
DYS3891 (24)	13	13
DYS390 (24)	22	24
DYS389 II (24)	30	31
DYS458 (13)	16	16
DYS19 (24)	14	15
DYS385 (23)	15,16	15,16
DYS393 (24)	12	15
DYS391 (24)	10	10
DYS439 (23)	11	11
DYS635 (13)	21	21
DYS392 (24)	11	12
YGATAH4 (13)	12	11
DYS437 (23)	14	14
DYS438 (23)	10	10
DYS448 (13)	21	19

Los laboratorios realizaron un total de 325 análisis de marcadores de STRs de cromosoma Y.

OPCION 2:

CONCLUSION del estudio de las tres muestras:

No existe vínculo biológico de hermandad entre ninguna de las 3 muestras. La justificación debe ser el Índice y/o Probabilidad de Hermandad, que arroja resultados muy distintos entre los laboratorios, ya que depende de los marcadores analizados por cada uno.

Los laboratorios que analizaron pocos marcadores, pudieron arribar a un resultado "no concluyente" y a sugerir ampliar el análisis a más marcadores, lo cual se considera "correcto".

La respuesta sin justificación se considera equivalente a "no contestada".

OPCION 3:**CALCULO TEORICO**

Marcador	IH
CSF1PO	0,2500
TPOX	5,0822
THO1	12,9806
D16S539	5,6328
D7S820	1,6375
D13S317	0,2500
VWA	9,0529
D3S1358	0,2500
D21S11	0,7774
D18S51	63,8280
PENTA E	55,8365
D5S818	0,6694
PENTAD	0,2500
D8S1179	2,0357
FGA	15,5888
IH TOTAL: Índice de Hermandad Completa	1,2677 E+06
Probabilidad de Hermandad Completa	> 99,99 %

No existen recomendaciones sobre la cantidad de decimales a utilizar en cada caso, por lo cual todos los resultados consensuados se consideraron "correctos", independientemente de la cantidad de decimales aportados.