

Preguntas

1. Mencione dos tipos de fuentes distintas de ADN para investigar la identidad de unos restos humanos.
2. ¿Por qué se usan los STRs en genética forense?
3. Cite dos características del ADN mitocondrial que le distinguen del ADN autosómico.

Respuestas

1. Muestras provenientes de restos indubitados del fallecido (objetos personales como peines o cuchillas de afeitarse) y muestras de familiares.
2. Por su elevado grado de polimorfismo, que hace que exista una gran diversidad de genotipos de STRs entre humanos.
3. Su herencia materna (contra la herencia biparental del ADN autosómico) y el elevado número de copias por célula (miles contra dos).

Ejercicio

Se cotejan los restos de un desaparecido con dos familiares: su esposa y su hijo. Sin embargo, una vez realizados los análisis genéticos, los investigadores hallan los siguientes resultados e interpretan que los restos hallados no corresponden con el padre del hijo. Indique qué STRs son incompatibles con la paternidad

locus	restos desaparecido	esposa	hijo
TH01	6/6	6/6	6/6
TPOX	8/10	7/9	8/9
CSF1PO	12/12	11/11	11/13
D3S1358	15/18	15/18	15/18
VWA	15/15	14/16	14/15
FGA	22/23	21/22	21/21
D5S818	10/11	12/13	10/12
D13S317	8/8	8/8	7/8
D7S820	9/10	9	9/10
D8S1079	13/14	12/13	13/15
D21S11	29	29/31.2	29/31.2
D18S51	16/17	16/17	16/18
D16S539	12	11	11/12
D2S1338	16/17	20	16/20
D19S433	12/13	14/15	14/15

Siguiendo con los mismos restos del problema anterior, los investigadores consideran otra posible identidad. De la persona desaparecida se conservan una hoja de afeitar, de la que se puede extraer ADN y que produce un perfil idéntico a los restos hallados en la fosa común. Para cada STR, calcule la frecuencia poblacional de su genotipo, y, conjuntamente, la frecuencia poblacional del perfil entero. ¿Consideraría probada la identidad de los restos? Usar las frecuencias alélicas que se hallan en la tabla adjunta

locus	restos desaparecido	Frecuencia genotípica
TH01	6/6	0.0528
TPOX	8/10	0.0646
CSF1PO	12/12	0.1093
D3S1358	15/18	0.0997
VWA	15/15	0.0167

FGA	22/23	0.0486
D5S818	10/11	0.0451
D13S317	8/8	0.0209
D7S820	9/10	0.0735
D8S1079	13/14	0.1320
D21S11	29	0.0485
D18S51	16/17	0.0348
D16S539	12	0.0965
D2S1338	16/17	0.0243
D19S433	12/13	0.0437

Y la frecuencia del perfil entero es 4.79×10^{-20} . Dicho de otra forma, la probabilidad de que, dada la información genética, los restos hallados pertenezcan al fallecido es $1 / 4.79 \times 10^{-20} = 2.09 \times 10^{19}$ veces mayor que la probabilidad de que pertenezca a un desconocido no emparentado con él. Por lo tanto, podemos dar la identificación por prácticamente probada.

alelo	TH01	TPOX	CSF1PO	D3S1358	VWA	FGA	D5S818	D13S317	D7S820	D8S1079	D21S11	D18S51	D16S539	D2S1338	D19S433	alelo
6	0.2298	0.0037														6
7	0.1719	0.0006	0.0006				0.0009		0.0181	0.0016						7
8	0.1368	0.5043	0.0063				0.0018	0.1447	0.1739	0.0188			0.0239			8
9	0.1942	0.1098	0.0145				0.0371	0.0651	0.1259	0.0094		0.0016	0.1213			9
9.3	0.2620															9.3
10	0.0047	0.0640	0.2756				0.0669	0.0497	0.2918	0.1016		0.0110	0.0294		0.0024	10
10.3	0.0006															10.3
11		0.2774	0.2939				0.3373	0.3002	0.1947	0.0781		0.0157	0.2941		0.0048	11
12		0.0396	0.3306	0.0009	0.0012		0.3879	0.2920	0.1612	0.1250		0.1583	0.3107		0.0937	12
12.2															0.0096	12.2
13		0.0006	0.0664	0.0081	0.0035		0.1573	0.1130	0.0290	0.3061		0.0972	0.1930		0.2332	13
13.2															0.0048	13.2
14			0.0089	0.1124	0.1089		0.0090	0.0335	0.0045	0.2156		0.1614	0.0276		0.3318	14
14.2															0.0264	14.2
15			0.0032	0.2770	0.1294		0.0018	0.0018	0.0009	0.1156		0.1489			0.1587	15
15.2															0.0481	15.2
16				0.2391	0.2254	0.0009				0.0266		0.1708		0.0432	0.0553	16
16.2															0.0168	16.2
17				0.1682	0.2886	0.0009				0.0016		0.1019		0.2814	0.0096	17
17.2															0.0024	17.2
18				0.1799	0.1546	0.0154						0.0517		0.0817		18
18.2															0.0024	18.2
19				0.0135	0.0703	0.0732						0.0392		0.1106		19
20				0.0009	0.0158	0.1483						0.0266		0.1442		20
20.3						0.0009										20.3
21					0.0023	0.1655						0.0063		0.0361		21
22						0.1699						0.0094		0.0553		22
22.2						0.0045										22.2
23						0.1429								0.0721		23
23.2						0.0018										23.2
24						0.1438								0.0841		24

24.2											0.0031					24.2
25						0.0995								0.0745		25
25.2											0.0031					25.2
26						0.0226								0.0144		26
27						0.0072					0.0250			0.0024		27
28						0.0018					0.1203					28
29											0.2203					29
30											0.2453					30
30.2											0.0375					30.2
31						0.0009					0.0719					31
31.2											0.1079					31.2
32											0.0047					32
32.2											0.0984					32.2
33.2											0.0547					33.2
34.2											0.0078					34.2