

**NUEVOS DATOS ESTADÍSTICOS GENÉTICO- POBLACIONALES
PARA MICROSATÉLITES EN COLOMBIA**

MARÍA DEL SOCORRO GALEANO MOLINA MD.

**UNIVERSIDAD COLEGIO MAYOR NUESTRA SEÑORA DEL ROSARIO
FACULTAD DE MEDICINA
MAESTRÍA EN GENÉTICA HUMANA
BOGOTÁ, D.C
ENERO 2019**

**NUEVOS DATOS ESTADÍSTICOS GENÉTICO-POBLACIONALES
PARA MICROSATÉLITES EN COLOMBIA**

MARÍA DEL SOCORRO GALEANO MOLINA

TRABAJO DE GRADO

**Presentado como requisito para obtener el título de
MAESTRÍA EN GENÉTICA HUMANA**

DIRECTOR DE TESIS

CARLOS MARTIN RESTREPO FERNANDEZ., MD, PhD

CO DIRECTOR DE TESIS

JOSEPH ALAPE ARIZA., BIÓLOGO., PhD

LUZ MYRIAM SIZA., BACTERIOLOGA., MSc

UNIVERSIDAD COLEGIO MAYOR NUESTRA SEÑORA DEL ROSARIO

FACULTAD DE MEDICINA

MAESTRÍA EN GENÉTICA HUMANA

BOGOTÁ, D.C

ENERO 2019

NOTA DE SALVEDAD DE RESPONSABILIDAD INSTITUCIONAL

“La universidad del Rosario no se hace responsable por los conceptos emitidos por los investigadores en sus trabajos, solo velará por el rigor científico, metodológico y ético de este, en aras de la búsqueda de la verdad y la justicia”.

**NUEVOS DATOS ESTADÍSTICOS GENÉTICO-POBLACIONALES
PARA MICROSATÉLITES EN COLOMBIA**

MARÍA DEL SOCORRO GALEANO MOLINA MD

APROBADO

**CARLOS MARTIN RESTREPO FERNANDEZ., MD., PhD
DIRECTOR**

JURADO

JURADO

TABLA DE CONTENIDO

RESUMEN

1. INTRODUCCIÓN

2. MARCO TEÓRICO

2.1. Historia de la Filiación.....	5
2.2. Historia de las pruebas de paternidad.....	5
2.3. Concepto de filiación y paternidad.....	8
2.4. Proceso de impugnación de paternidad o maternidad en Colombia.....	9
2.5 Métodos biológicos.....	10
2.5.1 Grupos Sanguíneos.....	10
2.5.2 Sistema HLA.....	11
2.5.3 Métodos basados en ADN	13
2.5.3.1 Secuencias repetidas.....	14
2.5.3.2 Minisatelites.....	15
2.5.3.3 Microsatélites.....	16
2.5.3.3.1 Definición.....	16
2.5.3.3.2 Distribución genómica.....	17

2.5.3.3.3 Aplicación de los STRs.....	19
2.5.3.3.4 Clasificación.....	19
2.5.3.3.5 Nomenclatura.....	20
2.5.3.3.6 Papel biológico.....	21
2.5.3.3.7 CODIS.....	23
2.5.3.3.8. Mecanismos mutacionales.....	25
2.6. Genética de poblaciones aplicada a los estudios de identificación humana.....	29
2.6.1 Parámetros estadísticos poblacionales.....	30
2.6.1.1 Equilibrio de Hardy Weinberg.....	27
2.6.1.2 Heterocigosidad esperada y observada.....	32
2.6.2 Parámetros estadísticos forenses.....	33
2.6.2.1 Probabilidad de discriminación.....	33
2.6.2.2 Probabilidad de Exclusión	34
2.6.2.3 Contenido de información polimórfica.....	35
2.6.2.4 Razón de verosimilitud o likelihood ratio.....	36
2.7 Estudios poblacionales en Colombia.....	38
3. JUSTIFICACIÓN.....	39
4. OBJETIVOS	40

4.1 Objetivo general.....	40
4.2 Objetivos específicos.....	40
5. MATERIALES Y MÉTODOS.....	42
5.1 Recolección de muestras.....	42
5.2 Extracción de ADN.....	44
5.3 Amplificación por PCR.....	44
5.4 Electroforesis capilar.....	45
5.5 Análisis estadístico.....	46
6. RESULTADOS.....	47
6.1 Colombia.....	47
6.1.1 Análisis por <i>locus</i>	47
6.1.2 Parámetros Estadísticos Poblacionales: Frecuencias Alélicas, Heterocigosidad Observada (H_o), Heterocigosidad Esperada (H_e) y Equilibrio de Hardy Weinberg.....	51
6.1.3 Parámetros Estadísticos Forenses: Contenido de Información Polimórfica (PIC), Poder de Discriminación (PD), Poder de Exclusión (PE), Índice Típico de Paternidad (TPI).	
6.1.4 Alelos nuevos.....	59

6.2 Colombia por departamentos.....	60
6.2.1 Parámetros Estadísticos Poblacionales: Frecuencias Alélicas, Heterocigosidad Observada (Ho), Heterocigosidad Esperada (He) y Equilibrio de Hardy Weinberg.....	61
6.2.2 Parámetros Estadísticos Forenses: Contenido de Información Polimórfica (PIC), Poder de Discriminación (PD), Poder de Exclusión (PE), Índice Típico de Paternidad (PTI).....	61
6.3 Colombia por regiones.....	129
6.3.1 Región Andina.....	129
6.3.1.1 Parámetros Estadísticos Poblacionales: Frecuencias Alélicas, Heterocigosidad Observada (Ho), Heterocigosidad Esperada (He) y Equilibrio de Hardy Weinberg.....	129
6.3.1.2 Parámetros Estadísticos Forenses: Contenido de Información Polimórfica (PIC), Poder de Discriminación (PD), Poder de Exclusión (PE), Índice Típico de Paternidad (TPI).....	129
6.3.2 Región Caribe.....	133
6.3.2.1 Parámetros Estadísticos Poblacionales: Frecuencias Alélicas, Heterocigosidad Observada (Ho), Heterocigosidad Esperada (He) y Equilibrio de Hardy	

Weinberg.....	133
6.3.2.2 Parámetros Estadísticos Forenses: Contenido de Información Polimórfica (PIC), poder de discriminación (PD), poder de exclusión (PE), índice típico de paternidad (TPI).....	133
6.3.3 Región Pacífica	
6.3.3.1 Parámetros Estadísticos Poblacionales: Frecuencias Alélicas, Heterocigosidad Observada (Ho), Heterocigosidad Esperada (He) y Equilibrio de Hardy Weinberg.....	137
6.3.3.2 Parámetros Estadísticos Forenses: Contenido de Información polimórfica (PIC), Poder de Discriminación (PD), Poder de Exclusión (PE), Índice Típico de Paternidad (TPI).....	137
6.3.4 Región de la Orinoquía y la Amazonia	
6.3.4.1 Parámetros Estadísticos Poblacionales: Frecuencias Alélicas, Heterocigosidad Observada (Ho), Heterocigosidad Esperada (He) y Equilibrio de Hardy Weinberg.....	144
6.3.4.2 Parámetros Estadísticos Forenses: Contenido de Información Polimórfica	

(PIC), Poder de Discriminación (PD), Poder de Exclusión (PE), Índice Típico de Paternidad (TPI).....	144
7. DISCUSIÓN.....	148
8. CONCLUSIONES.....	156
9. BIBLIOGRAFÍA.....	158

LISTA DE TABLAS

Tabla 1. Algunas enfermedades secundarias a la expansión de trinucleótidos en regiones codificantes y no codificantes.....	22
Tabla 2. Algunos de los STRs utilizados a nivel comercial incluyendo los del CODIS.....	24
Tabla 3. Algunos ejemplos sobre como calcular PIC en marcadores bialelicos.....	35
Tabla 4. Algunos ejemplos sobre como calcular PIC en marcadores multialelicos.....	36
Tabla 5. Número de participantes por departamento.....	43
Tabla 6. Número de participantes por región.....	43
Tabla 7. Programa de amplificación para el kit Power Plex 16 System.....	44
Tabla 8. Programa de amplificación para el kit Identifiler	45
Tabla 9. Programa de amplificación para el kit NGMSElect.....	45
Tabla 10. Frecuencias alélicas de Colombia I.....	52
Tabla 11. Frecuencias alélicas de Colombia II.....	53
Tabla 12. Frecuencias alélicas de Colombia III.....	54
Tabla 13. Frecuencias alélicas de Colombia IV.....	55
Tabla 14. Frecuencias alélicas de Colombia V.....	56

Tabla 15. Frecuencias alélicas de Colombia VI	57
Tabla 16. Indicadores poblacionales y forenses de Colombia I.....	58
Tabla 17. Indicadores poblacionales y forenses de Colombia II.....	58
Tabla 18. Alelos nuevos en Colombia en el presente estudio.....	59
Tabla 19. Principales características acerca de los parámetros poblacionales y forenses al analizar a Colombia por departamentos.....	62
Tabla 20. Frecuencias alélicas Antioquia I.....	63
Tabla 21. Frecuencias alélicas Antioquia II.....	64
Tabla 22. Indicadores poblacionales y forenses Antioquia I.....	65
Tabla 23. Indicadores poblacionales y forenses Antioquia II.....	65
Tabla 24. Frecuencias alélicas Atlántico I.....	66
Tabla 25. Frecuencias alélicas Atlántico II.....	67
Tabla 26. Indicadores poblacionales y forenses Atlántico I.....	68
Tabla 27. Indicadores poblacionales y forenses Atlántico II.....	68
Tabla 28. Frecuencias alélicas Bolívar I.....	69
Tabla 29. Frecuencias alélicas Bolívar II.....	70
Tabla 30. Indicadores poblacionales y forenses Bolívar I.....	71
Tabla 31. Indicadores poblacionales y forenses Bolívar II.....	71

Tabla 32. Frecuencias alélicas Boyacá I.....	72
Tabla 33. Frecuencias alélicas Boyacá II.....	73
Tabla 34. Indicadores poblacionales y forenses Boyacá I.....	74
Tabla 35. Indicadores poblacionales y forenses Boyacá II.....	74
Tabla 36. Frecuencias alélicas Bogotá I.....	75
Tabla 37. Frecuencias alélicas Bogotá II.....	76
Tabla 38. Indicadores poblacionales y forenses Bogotá I.....	77
Tabla 39. Indicadores poblacionales y forenses Bogotá II.....	77
Tabla 40. Frecuencias alélicas Caldas I.....	78
Tabla 41. Frecuencias alélicas Caldas II.....	79
Tabla 42. Indicadores poblacionales y forenses Caldas I.....	80
Tabla 43. Indicadores poblacionales y forenses Caldas II.....	80
Tabla 44. Frecuencias alélicas Cauca I.....	81
Tabla 45. Frecuencias alélicas Cauca II.....	82
Tabla 46. Indicadores poblacionales y forenses Cauca I.....	83
Tabla 47. Indicadores poblacionales y forenses Cauca II.....	83
Tabla 48. Frecuencias alélicas Cesar I.....	84
Tabla 49. Frecuencias alélicas Cesar II.....	85

Tabla 50. Parámetros poblacionales y forenses Cesar I.....	86
Tabla 51. Parámetros poblacionales y forenses Cesar II.....	86
Tabla 52. Frecuencias alélicas Choco I.....	87
Tabla 53. Frecuencias alélicas Choco II.....	88
Tabla 54. Parámetros poblacionales y forenses Choco I.....	89
Tabla 55. Parámetros poblacionales y forenses Choco II.....	89
Tabla 56. Frecuencias alélicas Córdoba I.....	90
Tabla 57. Frecuencias alélicas Córdoba II.....	91
Tabla 58. Parámetros poblacionales y forenses Córdoba I.....	92
Tabla 59. Parámetros poblacionales y forenses Córdoba II.....	92
Tabla 60. Frecuencias alélicas Cundinamarca I.....	93
Tabla 61. Frecuencias alélicas Cundinamarca II.....	94
Tabla 62. Parámetros poblacionales y forenses Cundinamarca I.....	95
Tabla 63. Parámetros poblacionales y forenses Cundinamarca II.....	95
Tabla 64. Frecuencias alélicas Huila I.....	96
Tabla 65. Frecuencias alélicas Huila II.....	97
Tabla 66. Parámetros poblacionales y forenses Huila I.....	98
Tabla 67. Parámetros poblacionales y forenses Huila II.....	98

Tabla 68. Frecuencias alélicas La Guajira I.....	99
Tabla 69. Frecuencias alélicas La Guajira II.....	100
Tabla 70. Parámetros poblacionales y forenses La Guajira I.....	101
Tabla 71. Parámetros poblacionales y forenses La Guajira II.....	101
Tabla 72. Frecuencias alélicas Magdalena I.....	102
Tabla 73. Frecuencias alélicas Magdalena II.....	103
Tabla 74. Parámetros poblacionales y forenses Magdalena I.....	104
Tabla 75. Parámetros poblacionales y forenses Magdalena II.....	104
Tabla 76. Frecuencias alélicas Nariño I.....	105
Tabla 77. Frecuencias alélicas Nariño II.....	106
Tabla 78. Parámetros poblacionales y forenses Nariño I.....	107
Tabla 79. Parámetros poblacionales y forenses Nariño II.....	107
Tabla 80. Frecuencias alélicas Norte de Santander I.....	108
Tabla 81. Frecuencias alélicas Norte de Santander II.....	109
Tabla 82. Parámetros poblacionales y forenses Norte de Santander I.....	110
Tabla 83. Parámetros poblacionales y forenses Norte de Santander II.....	110
Tabla 84. Frecuencias alélicas Quindío I.....	111
Tabla 85. Frecuencias alélicas Quindío II.....	112

Tabla 86. Parámetros poblacionales y forenses Quindío I.....	113
Tabla 87. Parámetros poblacionales y forenses Quindío II.....	113
Tabla 88. Frecuencias alélicas Risaralda I.....	114
Tabla 89. Frecuencias alélicas Risaralda II.....	115
Tabla 90. Parámetros poblacionales y forenses Risaralda I.....	116
Tabla 91. Parámetros poblacionales y forenses Risaralda II.....	116
Tabla 92. Frecuencias alélicas Santander I.....	117
Tabla 93. Frecuencias alélicas Santander II.....	118
Tabla 94. Parámetros poblacionales y forenses Santander I.....	119
Tabla 95. Parámetros poblacionales forenses Santander II.....	119
Tabla 96. Frecuencias alélicas Sucre I.....	120
Tabla 97. Frecuencias alélicas Sucre II.....	121
Tabla 98. Parámetros poblacionales y forenses Sucre I.....	122
Tabla 99. Parámetros poblacionales y forenses Sucre II.....	122
Tabla 100. Frecuencias alélicas Tolima I.....	123
Tabla 101. Frecuencias alélicas Tolima II.....	124
Tabla 102. Parámetros poblacionales y forenses Tolima I.....	125
Tabla 103. Parámetros poblacionales y forenses Tolima II.....	125

Tabla 104. Frecuencias alélicas Valle del Cauca I	126
Tabla 105. Frecuencias alélicas Valle del Cauca II	127
Tabla 106. Parámetros poblacionales y forenses Valle del Cauca I.....	128
Tabla 107. Parámetros poblacionales y forenses Valle del Cauca II.....	128
Tabla 108. Frecuencias alélicas región Andina I.....	130
Tabla 109. Frecuencias alélicas región Andina II.....	131
Tabla 110. Parámetros poblacionales y forenses región Andina I.....	132
Tabla 111. Parámetros poblacionales y forenses región Andina II.....	132
Tabla 112. Frecuencias alélicas región Caribe I.....	134
Tabla 113. Frecuencias alélicas región Caribe II.....	135
Tabla 114. Parámetros poblacionales y forenses región Caribe I.....	136
Tabla 115. Parámetros poblacionales y forenses región Caribe II.....	136
Tabla 116. Frecuencias alélicas región Pacífica I.....	138
Tabla 117. Frecuencias alélicas región Pacífica II.....	139
Tabla 118. Parámetros poblacionales y forenses región Pacifico I.....	140
Tabla 119. Parámetros poblacionales y forenses región Pacifico II.....	140
Tabla 120. Frecuencias alélicas región de la Orinoquía y la Amazonia I.....	142
Tabla 121. Frecuencias alélicas región de la Orinoquía y la Amazonia II.....	143

Tabla 122. Parámetros poblacionales y forenses de la Orinoquía y la Amazonia I.....144

Tabla 123. Parámetros poblacionales y forenses de la Orinoquía y Amazonia II.....144

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Herencia mendeliana del complejo HLA.....	13
Figura 2. Esquema de la estructura de un microsatelite.....	16
Figura 3. Densidad de los STRs a través de los cromosomas autosomas y sexuales.....	18
Figura 4. Esquema del proceso de deslizamiento de la ADN polimerasa.....	26
Figura 5. Modelo mutacional por pasos de los microsatélites.....	28
Figura 6. Estructura poblacional de Colombia.....	146
Figura 7. Valor Delta K para Colombia.....	146
Figura 8. Histograma de distribución del Fst para Colombia.....	147

AGRADECIMIENTOS

Al laboratorio Genética Molecular de Colombia, a Luz Myriam por todas sus enseñanzas en el laboratorio.

A las doctoras Dora Fonseca y Nora Contreras por su apoyo y por haberme dado esta linda oportunidad.

Al doctor Restrepo y al doctor Joseph Alape, por todos los conocimientos brindados y su guía durante todo el proceso.

LISTA DE ABREVIATURAS

CEPAL: Comisión Económica para América Latina y el Caribe.

CODIS: *Combined DNA Index System*

FBI: *Federal Bureau of Investigations*

He: Heterocigosidad esperada

HLA: *Human leukocyte Antigens* (Antígenos leucocitarios humanos)

Ho: Heterocigosidad observada

NDIS: *National DNA Index System*

PD: Poder de Discriminación

PE: Poder de Exclusión

PIC: Contenido de Información Polimórfica

PTI: Índice Típico de Paternidad

QAS: *Quality assurance standards*

RFLP: *Restriction Fragment Length Polymorphisms* (Fragmentos de restricción de longitud polimórfica)

SNPs: *Single nucleotide Polymorphisms* (Polimorfismos de nucleótido único)

STRs: *Short Tandem Repeats* (Repeticiones cortas en tándem)

VNTRs: *Variable Number of Tandem Repeats* (Numero variable de repeticiones en tándem)

UTRs: Untranslated regions (Regiones no traducidas)

UPD: Disomía uniparental

RESUMEN

A partir del año 1990 se han venido utilizando microsatélites, también conocidos como repeticiones cortas en tándem (del inglés *short tandem repeats* o STRs), que son secuencias cortas de ADN constituidas por un motivo principal. Además de ser usados ampliamente en la determinación de la filiación, los STRs han sido empleados en estudios de evolución y de ancestría, ya que presentan un alto grado de polimorfismo, facilidad de amplificación y análisis.

El presente trabajo aborda el estudio de microsatélites del tipo de repeticiones cortas en tándem (STRs) en la población colombiana. El objetivo de este estudio es establecer nuevos parámetros estadísticos poblacionales y forenses analizando a la población colombiana de manera global, por regiones y por departamentos en una muestra de 14.099 individuos en total y 9.610 individuos de la línea parental, que pertenecen a 21 departamentos de Colombia (Antioquia, Atlántico, Bolívar, Boyacá, Caldas, Cauca, Cesar, Choco, Córdoba, Cundinamarca, Huila, La Guajira, Magdalena Nariño, Norte de Santander, Quindío, Risaralda, Santander, Sucre, Tolima y Valle del Cauca) cuatro regiones del país (Caribe, Pacífica, Andina y la Orinoquia y Amazonia) y la capital de Bogotá. Dada la magnitud de la muestra, como hallazgo novedoso se reportan los alelos nuevos encontrados y además se determinará si hay o no estratificación poblacional en la población colombiana.

Con este trabajo se presenta para su uso, una base de datos de cobertura nacional, completa y actualizada, que incluye información poblacional para 23 microsatélites incluyendo los 20 *loci* del CODIS, además de Penta D, Penta E y SE 33.

SUMMARY

Since 1990, microsatellites have been used, also known as short tandem repeats (STRs), which are short DNA sequences consisting of a main motif. In addition to being widely used in the determination of filiation, STRs have been used in evolution and ancestry studies, since they present a high degree of polymorphism, ease of amplification and analysis.

The present work deals with the study of microsatellites of the type of short tandem repeats (STRs) in the Colombian population. The objective of this study is to establish new population and forensic statistical parameters analyzing the Colombian population globally, by regions and by departments in a sample of 14,099 individuals in total, 9,610 individuals in the parental line, who belong to 21 departments (Antioquia, Atlántico, Bolívar, Boyacá, Caldas, Cauca, Cesar, Choco, Córdoba, Cundinamarca, Huila, La Guajira, Magdalena, Nariño, Norte de Santander, Quindío, Risaralda, Santander, Sucre, Tolima and Valle del Cauca), four regions of the country (Caribbean, Pacific, Andina and the Orinoquia and Amazonia) and Bogotá. As a novel finding, the new alleles found are reported and it will be determined if there is population stratification in the Colombian population.

With this work we want to provide a database of national coverage, complete and updated, information is provided for 23 microsatellites including the 20 loci of CODIS, as well as Penta D, Penta E and SE 33.

1. INTRODUCCIÓN

El empleo de métodos confiables en la determinación de la filiación biológica ha sido siempre una necesidad en todas las sociedades, diversos tratados internacionales de derechos humanos proclaman el derecho de los niños a conocer sus raíces y a pertenecer a una familia. En Colombia gracias a la ley 721 del 2001 se ordena la práctica de los exámenes que científicamente determinen la paternidad con un índice de probabilidad superior al 99.9% (Ley 721 del 2001, artículo 7o).

Históricamente se han empleado diversos métodos, desde el reconocimiento de rasgos físicos compartidos por padres e hijos hasta métodos biológicos tales como grupos sanguíneos, enzimas, proteínas séricas y antígenos del complejo HLA (Hongbao, 2006) los cuales sin embargo no logran resolver todos los casos.

Es así como los métodos basados en el análisis de la molécula del ADN fueron introducidos, por ser sistemas más polimórficos y por lo tanto más informativos. Con el perfeccionamiento de las técnicas moleculares, hoy en día se utilizan los microsatélites (STRs), *loci* multialelicos que constituyen el núcleo del CODIS, sistema genómico que ha permitido el establecimiento de bases de datos de perfiles genéticos a nivel mundial de personas involucradas en casos forenses y en casos de personas desaparecidas o restos humanos no identificados (Butler, 2011). Los microsatélites ofrecen múltiples ventajas, entre ellas una mayor facilidad de análisis, no solo han sido empleados en el campo de la identificación humana y la determinación de la filiación biológica sino también en diversas áreas de la genética de poblaciones (Usdin, 2008).

Colombia es un país heterogéneo producto de la mezcla de pobladores amerindios, europeos predominantemente españoles, afrodescendientes y otros grupos minoritarios, el mestizaje que se originó en la época de la colonia aún sigue vigente, razón por la cual el objetivo del presente trabajo es abordar un nuevo y más amplio estudio de microsatélites del tipo de

repeticiones cortas en tándem (STRs), para así determinar frecuencias alélicas y genotípicas actuales, proponer nuevos parámetros estadísticos poblacionales y forenses y determinar si hay estratificación poblacional en la población.

Varias investigaciones previas sobre la población colombiana han ofrecido datos para algunas regiones y/o departamentos (Acosta 2.002; Paredes 2.003; Rey 2.003; Yunís 2.005). En el presente estudio se analizó de manera más comprensiva a la población colombiana como un todo, pero también por regiones y departamentos de manera global, por regiones y por departamentos, sin que exista previamente un abordaje similar con tanta extensión y tamaño muestral.

Se espera que los resultados derivados de este trabajo sean de utilidad en la práctica forense y de filiación humana en el país.

2. MARCO TEÓRICO

2.1 Historia de la filiación

Por filiación se refiere al vínculo que existe entre dos personas, el cual se puede establecer sea por un hecho biológico o a través de un acto jurídico. Mediante el estudio de la filiación se establece el vínculo de una persona como descendiente de la otra. Existen casos en los que aún no se ha establecido una relación filial, o bien, una vez establecida, esta no coincide con la filiación biológica; o bien, la filiación biológica no coincide necesariamente con la filiación jurídica (Gallegos, 2006). Las relaciones filiales pueden ser de paternidad, que es la forma más comúnmente investigada, pero también pueden ser filiación de maternidad, de abuelidad, de tialdad, e incluso, de otras formas de parentesco.

Desde la antigüedad el hombre ha investigado la filiación entre las personas con el propósito de reconocer a los descendientes o ascendientes, derechos y obligaciones. La Comisión Económica para América Latina y el Caribe (CEPAL), ha manifestado recientemente que el “no reconocimiento de los hijos aleja la posibilidad de una paternidad responsable” (Alatorre, 2002). Esto causa efectos negativos tales como el aislamiento de los niños de un núcleo familiar, la falta de identidad con la familia y con la historia, amén de incumplir derechos y obligaciones con la progenie y la parentela. Para corregir lo anterior, la historia jurídica y más recientemente, la convención sobre los derechos del niño y muchos otros tratados internacionales sobre derechos humanos, reconocen el derecho de los niños y adolescentes a conocer su origen genético, su padre y su madre biológicos, así como el de tener una familia (Comité de bioética de Cataluña, 2016).

La paternidad es la forma de filiación más comúnmente interrogada y, si bien existen otras formas de filiación que ya se comentaron en el párrafo anterior, los principios usados para la asignación de la paternidad son similares para los de los demás tipos de filiación. La paternidad hace referencia a la cualidad de padre de un progenitor masculino y es uno de los pilares socioculturales y jurídicos más importantes.

El concepto de paternidad ha ido cambiando con el tiempo en las distintas civilizaciones y periodos históricos, se trata de un fenómeno cultural definido por la CEPAL, como el vínculo

que relaciona a los varones con sus hijos e hijas; además, la paternidad incluye un concepto de autoridad, de cuidado y de protección (Casares, 2008). Muchas de las sociedades occidentales y orientales han sido patriarcales por lo que la paternidad siempre ha dependido históricamente del consentimiento o no del varón sobre el descendiente, hasta la aparición de las pruebas biológicas (Tort, 2008).

Determinar la paternidad ha sido una necesidad universal de todas las sociedades, cada vez más es indispensable preservar “el derecho de los menores a la satisfacción de sus necesidades de alimentación, salud, educación y sano esparcimiento, para su desarrollo integral” (Pérez, 2013). El sentido proteccionista para los menores ha evolucionado y cambiado, también en lo relativo a la protección de los mayores de edad. El artículo 46 de la Constitución Política de Colombia dice: “el Estado, la sociedad y la familia concurrirán para la protección y la asistencia de las personas de la tercera edad” (<http://www.corteconstitucional.gov.co/inicio/ConstitucionpoliticodeColombia.pdf>).

El reconocimiento de la paternidad data desde hace unos siete mil años, en el periodo neolítico, época en la cual se relacionaba la paternidad con la crianza de animales en cautiverio. Estas civilizaciones observaron que la procreación sucedía bajo la presencia de machos y hembras (Banchs, 1999). Así nació el concepto del hombre como ser reproductivo. En el periodo prehistórico de la era neolítica la sociedad era básicamente matriarcal, ya en la época de la sociedad romana, se formó el modelo patriarcal, en donde hijos e hijas portaban el apellido paterno. A partir de este momento el núcleo familiar se encontraba constituido no solo por todos los parientes y descendientes sino también por allegados y nuevos integrantes de la familia. El páter romano ejercía un derecho sobre todos los aspectos de la vida de sus hijos, poseía el derecho a la vida y a la muerte, decidía todo lo referente a su educación; este patriarcado desplazaba a las mujeres y en estas familias el hijo era solo considerado como tal si este era reconocido por el páter, sin importar si era el fruto del matrimonio o no (Duby, 1987).

En ese momento la relación entre la biología y la paternidad no era muy estricta, que fuera o no el progenitor biológico carecía de importancia, lo que realmente importaba era el reconocimiento paterno. Si lo había, el hijo era el heredero y, si no se le reconocía, aun siendo producto del matrimonio, el hijo quedaba condenado al abandono (Duby, 1987).

Posteriormente, en la edad media, con la aparición del padre cristiano, se crearon nuevos modelos de paternidad y ahora todos los integrantes de la nueva familia estaban bajo el cuidado del padre. La iglesia prohibió la poligamia y la figura paterna se situaba dentro de la institución del matrimonio y, los hijos que nacían de relaciones extramatrimoniales, no pertenecían a ninguna familia (Roudinesco, 2007).

En la época moderna, después de la declaración de los derechos del hombre y del ciudadano, el padre pasó a ser una figura sometida a la ley, el matrimonio pasó a ser un acto voluntario entre un hombre y una mujer; apareció por primera vez la idea de que el niño tiene derecho a una familia sin importar si es nacido o no dentro del matrimonio. En la época posmoderna los hijos extramatrimoniales pasaron a tener los mismos derechos que los hijos matrimoniales y, por último, en la época contemporánea la iglesia proclamó que la paternidad no es definida únicamente por la biología y ahora, en el siglo XXI, existen familias pluriparentales, monoparentales y homoparentales, gracias a los cambios que se han generado en la dinámica de la actual sociedad (Robaldo, 2011).

2.2 Historia de las pruebas de paternidad

Antes del año 1.900, la paternidad se asignaba con base en la semejanza física. El parecido era el único parámetro concreto mediante el cual se podía tratar de dilucidar si un hombre era o no el padre biológico de un menor. Se utilizaban pruebas antropomórficas y parámetros basados en rasgos físicos. Los parámetros morfológicos comunes entre el presunto padre e hijo eran aproximadamente de 260 a 300, pero solo se analizaban cien que constituyen los caracteres “fundamentales”, entre ellos se pueden citar: el color de los ojos, los diámetros craneales, la forma del pabellón de la oreja, el color del cabello, los labios, la forma del paladar, de la columna vertebral, las manos y las huellas dactilares. Con base en estos estudios, la Sociedad Alemana de Antropología propuso una clasificación de la probabilidad de paternidad en categorías como: paternidad no determinable, paternidad posible, paternidad probable o improbable y paternidad más probable que la no paternidad y paternidad prácticamente excluida o probada (Shapiro et al., 1992).

Entre las principales desventajas de este sistema están la subjetividad relacionada con el evaluador y la necesidad de un desarrollo anatómico óptimo, momento en el cual los caracteres morfológicos se han definido. Varios autores plantearon que estas pruebas se podían realizar siempre y cuando existiera una fotografía, si el padre o el hijo(a) hubieran fallecido y que permitiera evaluar el parecido físico. En cuanto a la subjetividad del evaluador, en la época se trató de sobrepasar esta limitación analizando el resultado mediante métodos matemáticos y el uso de logaritmos; el resultado de un logaritmo con un puntaje final superior a 4.8 equivalía a una paternidad probada (Shapiro et al., 1992).

Otro método utilizado fue la demostración del grado de madurez del recién nacido. Se determinó que existía una relación medible entre la duración del embarazo y el grado de desarrollo de ciertas medidas antropométricas en el recién nacido, especialmente la talla, el peso y los diámetros craneales; con estos datos, se elaboraron tablas a partir de las que se obtienen porcentajes de probabilidad y grados de verosimilitud, relacionando las mediciones obtenidas en el recién nacido con la edad de la gestación (Shapiro et al., 1992).

En la antigua Cartago, la incertidumbre sobre la paternidad la resolvía una junta de personas notables e idóneas, mediante la comparación fenotípica del presunto padre con el hijo, cuando este ya había llegado a los 3 años de edad. Si el resultado era una inclusión de la paternidad, el hijo adquiriría todos los derechos de un ciudadano cartaginés, pero, si era una exclusión, se terminaba con la vida del hijo (Shapiro et al., 1992).

En la antigua China para determinar la paternidad se vertía la sangre del padre y del hijo gota a gota en una vasija con agua, la formación de un precipitado indicaría la ausencia de paternidad, este procedimiento se señala en el tratado *Sen-en-Roku* de 1.947. Este método y sus resultados constituyes una intuición anticipada de las pruebas de los grupos sanguíneos que mucho más adelante se implementaron (Castellano, 1999).

2.3 Concepto de filiación y paternidad

Filiación es la relación que existe entre padres e hijos, existe una filiación biológica y una filiación legal. La filiación biológica nace de la procreación mientras que la filiación legal es el vínculo jurídico que liga a quienes ante la ley son padres y madres e hijos e hijas.

Constituye el derecho que tiene todo individuo al reconocimiento de su personalidad jurídica, en tanto que a través de la protección del derecho a la filiación se concreta el derecho a otras garantías como son el tener una familia, el libre desarrollo de la personalidad y la dignidad humana. (Constitución política, sentencia No c-109/95).

Se define a la paternidad como “la relación que existe entre el padre (entendiendo a tal como el progenitor masculino) y sus hijos. Normalmente nos referimos en este concepto a los hijos biológicos.” (Comité de bioética de Cataluña, 2016).

Otra definición de paternidad es “la paternidad alude a la relación biológica que une a una persona de sexo masculino con su descendencia directa, salvo el caso de paternidad por adopción, que une a padre e hijo por elección” (<http://derecho.laguia2000.com/derecho-de-familia/paternidad-y-filiacion>) o el consentimiento.

2.4 Proceso de investigación o impugnación de paternidad o maternidad en Colombia

El Instituto Colombiano de Bienestar Familiar (ICBF), recordó que el acto de reconocimiento del hijo (a) por parte de sus padres constituye generalmente un acto libre y voluntario que puede realizarse a través de distintas formas. De acuerdo con esto adujo que, según la jurisprudencia de la Corte Constitucional, en los casos en que los progenitores se niegan o se tornan renuentes a reconocer a sus hijos, el estado, en defensa de los derechos de éstos, ha dispuesto los mecanismos y procedimientos judiciales, como el del proceso de investigación de la paternidad y la maternidad para determinar tal hecho, con el objeto de proteger y hacer efectivos los derechos fundamentales de las personas. (Instituto Colombiano de Bienestar Familiar, Concepto 81 del 2013).

La investigación de Paternidad solo fue posible en Colombia a partir de la Ley 45 de 1936. Esta ley reconoció la paternidad como un proceso jurídico irrevocable ante el reconocimiento voluntario por parte del progenitor y, cuando se presentará raptó o violación, seducción bajo abuso de autoridad o promesa de matrimonio, cuya fecha de ocurrencia coincidiera con el de la concepción.

Posteriormente, la ley 75 de 1968, introdujo la prueba científica como un medio que deberá ser utilizado en los casos en los cuales se requiera el reconocimiento de las características heredo-biológicas paralelas entre el hijo y su presunto padre o madre, en cuyo caso se ordenará peritación antro-po-heredo-biológica, mediante el análisis de caracteres transmisibles como son, por ejemplo, los grupos sanguíneos.

Finalmente, la ley 721 del 2001 modificó la ley 75 de 1968, adicionando que los exámenes empleados para determinar la paternidad deben alcanzar un índice de probabilidad superior al 99.9% (Guerrero, 2010)

2.5 Métodos biológicos

2.5.1 Grupos Sanguíneos

La utilización de los grupos sanguíneos para la determinación de la paternidad se basa en los principios de la herencia mendeliana. Los grupos sanguíneos se originaron con la observación de que los eritrocitos se agrupan de acuerdo con la presencia de proteínas específicas en su superficie, denominadas antígenos, que resultan de variaciones en el ADN, especialmente SNPs e INDELS (Bugert et al., 2012).

En el año 1900 Karl Landsteiner describió tal fenómeno de aglutinación, según el cual, al mezclar sangre de diferentes personas se evidenciaba la formación de grumos en el suero, producto de la interacción antígeno-anticuerpo. Este hallazgo permitió identificar el sistema ABO (Lee, 2000). En 1902 Alfred von Decastello y Adriano Sturli identificaron el fenotipo codominante AB para este mismo sistema (Lee & Reid, 2000).

Posteriormente, E. von Dungern y Ludwik Hirszfild postularon que los antígenos del sistema ABO se heredaban de manera mendeliana. Hirszfild publicó uno de los primeros estudios sobre las variaciones genéticas en las diversas poblaciones humanas, durante la primera guerra mundial; en este trabajo el autor reportó diferencias significativas en las frecuencias del alelo A y B en diferentes poblaciones, encontrando una mayor frecuencia del alelo B en personas originarias de la India y una mayor frecuencia del alelo A en personas originarias del Reino Unido (Bodmer, 2015).

Es así como la determinación de la paternidad se basó en la comparación de los grupos sanguíneos del presunto padre, la madre y el niño. Ottemberg, en 1921, fue el primero en utilizar el grupo ABO en pruebas de paternidad (Albrecht et al., 2003).

El sistema ABO posee 3 alelos A, B y O, para los cuales cada persona posee un par proveniente de cada uno de sus progenitores (padre y madre), generando las siguientes seis combinaciones genotípicas posibles: AA, AO, BB, BO, OO y AB y los siguientes grupos sanguíneos: en el fenotipo A, B, O y AB. Los alelos A y B son codominantes entre sí y ambos, además, son dominantes sobre el alelo O (Smolarek et al., 2008)

Hay tres genes que controlan la expresión del sistema ABO: el mismo gen ABO (OMIM 110300), que se localiza en el cromosoma 9q34.2 codifica una glicosiltransferasa que cataliza la transferencia de carbohidratos al antígeno H; el gen H (OMIM 211100), localizado en el cromosoma 19q13.33 es traducido al antígeno H, intermediario previo en la formación de los antígenos ABO y, el gen Se (OMIM 182100), que mapea en el cromosoma 19q13.33. Los genes H y Se, ambos genes estructurales, codifican para enzimas del tipo transferasas. El grupo ABO tiene un bajo nivel de polimorfismo, ya que solo contiene 3 alelos y su poder de exclusión máximo es apenas del 13.4% (Adams, 2.008).

En 1930 se identificaron otras proteínas en la superficie de los eritrocitos que también fueron pronto utilizadas en el campo de la identificación humana: estas incluyen los sistemas Rh y MNS, los cuales, de forma similar al grupo ABO, basan su función en la presencia de antígenos específicos que son heredables. En conjunto tienen un poder de exclusión del 56.6% (Adams, 2.008).

2.5.2 Sistema HLA

En 1970, Jean Dausset identificó una serie de antígenos presentes en la superficie de los leucocitos y otras células, exceptuando a los eritrocitos, que constituyeron el complejo mayor de histocompatibilidad (HMC), cuyos antígenos se denominaron los antígenos leucocitarios humanos (HLA) (Zachary., 2001). El HMC se localiza en el brazo corto del cromosoma 6, en la región 6p21.31 y son los *loci* más polimórficos del genoma humano. El HMC posee alrededor de 200 genes y existen más de 100 alelos diferentes para cada *locus*; por ejemplo,

se han descrito más de 3.000 alelos para los genes HMC de la clase I que se encuentran en la primera región del complejo ((Bertaina & Andreani, 2018).

El HMC se encuentra constituido por genes clasificados en tres regiones: la primera región es la más telomérica y abarca un segmento cromosómico de unas 1.600 Kb; al menos 36 genes se han identificado en este fragmento cromosómico que contiene el *cluster* (agrupamiento) de los genes de la clase I, con los *loci* HLA-A, HLA-B y HLA-C; la segunda región es la más centromérica y comprende unas 900 kilobases que contienen el *cluster* de los genes de clase II con los *loci* HLA-DRA, HLA-DRB, HLA-DQA, HLA-DQB, HLA-DPA, HLA-DPB, HLA-DMA, HLA-DMB y HLA-DOB; en medio del *clúster* telomérico y centromérico se halla el *cluster* de los genes de la clase III que codifica algunas proteínas del sistema del complemento y otras relacionados con la respuesta inmune (López et al., 2005). De manera general los genes del complejo mayor de histocompatibilidad codifican para glicoproteínas de membrana, citosinas y diversas proteínas del sistema del complemento, que intervienen en la presentación de antígenos a los linfocitos T y otras moléculas que son importantes en diversas fases de la respuesta inmune. Cabe anotar que estos genes también codifican para proteínas que no tienen función inmune alguna (López et al., 2005).

Además del papel crucial de HMC en los procesos de aceptación o rechazo de trasplante e injerto, HMC posee características que lo hacen ideal para estudios poblacionales dado que los genes HLA de la clase I y II son altamente polimórficos y presentan diferencias valorables de frecuencias alélicas entre grupos humanos, siguiendo un patrón de herencia mendeliano, en el que cada uno de los alelos es de expresión codominante. Este conjunto de genes se encuentra alineado en una región grande y continua del genoma con estrecho ligamiento, el cual se hereda en forma de haplotipo (Figura 1). Esta última característica, no obstante, es el punto débil del uso del HMC en identificación humana, dada la probabilidad de que familiares entre sí, implicados en una filiación, compartan los haplotipos de este sistema y es la razón por la cual no se utilizan actualmente (Choo et al., 2007).

La caracterización de los alelos que codifican los antígenos presentes en los leucocitos, constituyó la base para el uso de este sistema en pruebas de paternidad. No obstante, en Colombia se usó el HMC ampliamente, en casos de filiación, mediante el análisis de un solo *locus* (HLA-DQA), junto con el VNTR D1S820 (Mojica, 2003).

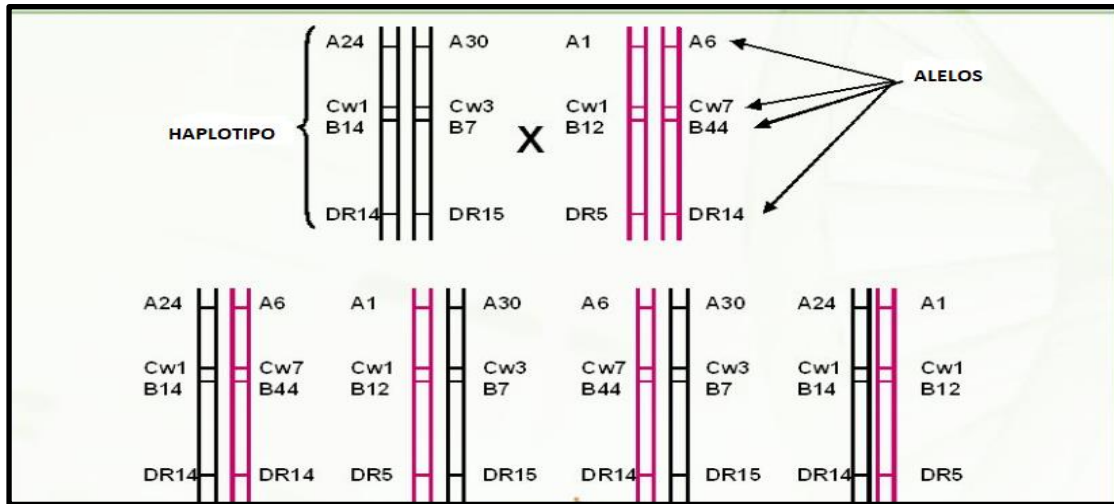


Figura 1. Herencia mendeliana del complejo HLA.

Basada en: <http://www.nefro.cl/DOCS/evento1/presentaciones/>
 Modificada por Maria Del Socorro Galeano

2.5.3 Métodos basados en ADN

Antes de la utilización de pruebas basadas en el ADN, otros diversos métodos para el análisis de la paternidad como son los grupos sanguíneos, enzimas, proteínas séricas y antígenos del complejo HLA (Hongbao 2006) fueron implementados; sin embargo, con todos estos usos, un cierto número de casos quedaba sin resolver. Así surgió la necesidad de utilizar otras estrategias que contaran con un número mayor de *loci* y un elevado polimorfismo que fueran lo suficientemente informativos para resolver estos y todos los casos (Smouse & Chakraborty, 1986).

En 1980 se desarrolló un método conocido como RFLPs (*restriction fragment length polymorphisms*), los cuales resultaban del corte del ADN en fragmentos de tamaño alternativo utilizando una enzima de restricción (Mittal. 2013). Un polimorfismo es una secuencia de ADN que varía entre cromosomas homólogos y genera alelos alternativos. Los polimorfismos de ADN se han aplicado para la construcción de mapas de ligamiento genético que ayudan a posicionar la localización de los genes en los cromosomas, para la

identificación de individuos con propósitos forenses, en pruebas de paternidad y en estudios de ancestría (Mittal. 2013).

En detalle, el método de RFLPs consiste en la fragmentación del ADN con una enzima de restricción, que reconoce y corta o no el ADN de doble hebra en sitios de reconocimiento específicos que han sido previamente reconocidos por su variabilidad. Previamente, los RFLPs amplificados por PCR y, posteriormente al uso de la enzima de restricción, son separados mediante electroforesis en fragmentos de diferente longitud. Cada RFLP da origen a fragmentos cuya longitud está determinada por la presencia o no del sitio de corte enzimático; cada uno de estos fragmentos es considerado un alelo y gracias a que se comportan de modo codominante, es posible determinar que fragmento o alelo se heredó de cada progenitor para así comparar el perfil genético de un supuesto padre y su descendiente. Es un método laborioso, que consume tiempo y requiere una cantidad de ADN significativa para cada ensayo, su poder de exclusión es del 99.5% (Ito et al.,1985).

Con el perfeccionamiento de las técnicas moleculares, hoy en día se utilizan los STRs o microsatélites con los cuales es posible excluir a todos los varones falsamente acusados de paternidad con una probabilidad del 99.9% (Butler, 2012).

2.5.3.1 Secuencias repetidas de ADN

Una proporción sustancial del genoma humano y de otras especies está representada por abundantes tramos de secuencias repetidas. El ADN repetido constituye alrededor del 50% de todo el genoma humano y es una fuente única de variabilidad genómica que es responsable, en parte, de la identidad de la especie (Richard et al., 2008).

Se ha postulado que el ADN repetitivo se origina durante la meiosis parental, en la formación del cigoto o poco tiempo después (Richard et al., 2008) y se clasifica en dos grupos principales: las secuencias repetidas dispersas y las secuencias repetidas en tándem.

Las secuencias repetidas dispersas incluyen a los genes que codifican para el ARN de transferencia (ARNt) y los elementos móviles del genoma (llamados transposones). Estos últimos se dividen en tres categorías: los transposones de ADN de la clase I, los cuales se

mueven directamente de una posición a otra del genoma a través de una enzima llamada transposasa; los transposones de la clase II o retrotransposones, los cuales son transcritos a ARN y posteriormente a ADN, mediante una enzima retrotranscriptasa; y los de la clase III, denominados MITE (*miniature inverted repeat transposon elements*), que son transposones derivados de otros transposones de ADN y que son importantes en las plantas (Feschotte et al., 2007).

Por otra parte, las secuencias repetidas en tándem son aquellas en las que existe una determinada secuencia que es reiterada una y otra vez a lo largo de la cadena de ADN y es llamada el ADN satélite. Para su estudio, este ADN se ha dividido en los minisatélites (también llamados VNTRs) y los microsatélites (denominados STRs).

2.5.3.2 Minisatélites

Los minisatélites son llamados *VNTRs* (*variable number of tandem repeats*), son secuencias repetidas en tándem que contienen motivos repetitivos de entre 10 hasta 100 pares de bases (pb) (Panneerchelvam et al., 2003). Al igual que los microsatélites los VNTRs son polimórficos, multialélicos y se heredan de manera mendeliana codominante, razones por las cuales fueron los primeros marcadores de ADN utilizados (Ramel, 1997). No obstante, ciertas limitaciones no permitieron que siguieran siendo usados, tales como la distribución no homogénea de los VNTRs ya que se localizan preferencialmente en los telómeros de los cromosomas, el mayor tamaño que no permite una amplificación eficiente mediante reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y para el análisis se requiere de grandes cantidades de ADN, que en ocasiones no es posible obtener a partir de muestras biológicas degradadas (Panneerchelvam et al., 2003).

2.5.3.3 Microsatélites

Dado que los microsatélites son los sistemas genéticos actualmente más usados en identificación humana, se hará a continuación una descripción detallada de ellos.

2.5.3.3.1 Definición.

Los microsatélites también se denominan repeticiones cortas en tándem, del inglés *short tandem repeats* o STRs. Los STRs son secuencias genómicas que contienen un motivo

repetido más corto que los VNTRs y oscila entre 2 hasta 9 pb (Panneerchelvam, 2003). El motivo repetido está presente un número variable de veces, por ejemplo, desde 6 hasta 12 repeticiones como ocurre en el STR llamado TH01, y cada fragmento con un número determinado de repeticiones genera un alelo independiente. De esta manera, cada *locus* STR consta de varios alelos y por ello presenta un alto polimorfismo. Cada STR es, entonces, un sistema genético polimórfico y multialélicos, a través del cual es posible evidenciar la segregación de cada alelo durante la meiosis. La presencia de múltiples alelos que se segregan de manera codominante e independiente durante la meiosis ha permitido el uso extenso de los microsatélites en estudios de ligamiento, para la identificación de los individuos de una población y otras aplicaciones de la genética de poblaciones (Chistiakov et al., 2006).

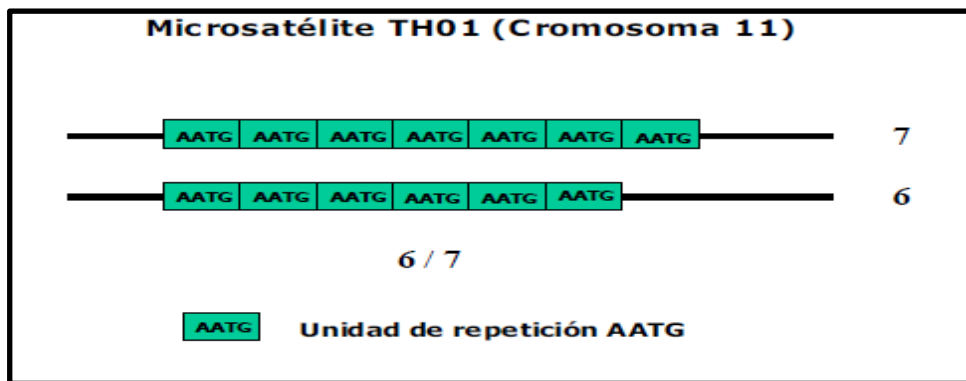


Figura 2. Esquema de la estructura de un microsatélite.

Secuencia repetida cuyo núcleo está compuesto por 4 pares de bases -AATG las cuales se repiten 6 y 7 veces en tándem para el locus TH01. Tomado de: Comparative Genomics and Molecular Dynamics of DNA Repeats in Eukaryotes (Richard et al., 2008).

2.5.3.3.2 Distribución genómica.

Los STRs están presentes en todos los organismos eucariotas y, en menor medida, en los procariotas. En el genoma humano abarcan el 3% de la extensión total y su densidad no es homogénea en los cromosomas, teniéndose que pueden ser o no abundantes en determinadas regiones genómicas. El número total de STRs también depende del tamaño del cromosoma,

siendo mayor evidentemente en el cromosoma 1 dado su mayor tamaño y menor en el cromosoma Y. El cromosoma 19 es el de mayor densidad (20 mil pb de microsatélites por megabase), seguido por los cromosomas 17 (18 mil pb/Mb) y 22 (17 mil pb/Mb); mientras que el cromosoma Y tiene el menor número de microsatélites, pero su densidad es similar al promedio de los cromosomas autosómicos (13 mil pb/Mb). En la figura 3 se observa una distribución de la densidad en pb de los microsatélites comparada con el tamaño en megabases de cada cromosoma (Subramanian., 2003).

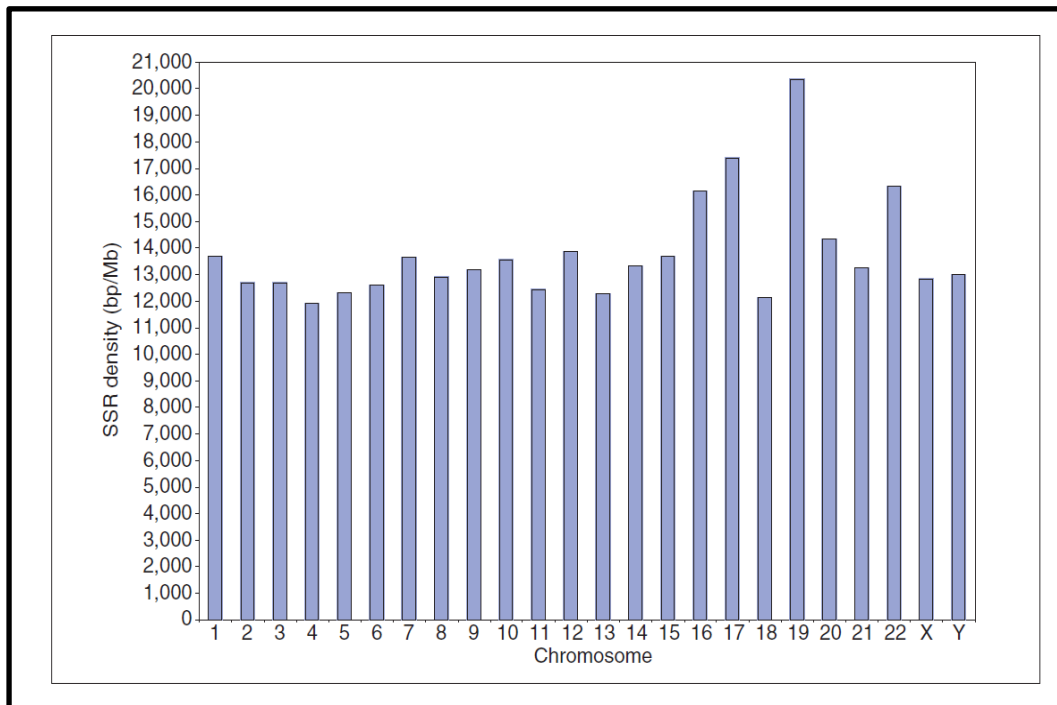


Figura 3

Densidad de los STRs a través de los cromosomas autosomas y sexuales.

Densidad expresada en pares de bases por megabase.

Tomado de: Genome-wide analysis of microsatellite repeats in humans: their abundance and density in specific genomic regions (Subramanian.et al., 2003).

No se han evidenciado diferencias en cuanto a la densidad, cuando se comparan las regiones intergénicas o intrónicas, pero sí se presenta una variación regional ya que la densidad de los STRs es mayor en los telómeros que en las regiones subteloméricas. Respecto a los factores que afectan la densidad de microsatélites, la composición de bases influye de manera significativa: se ha visto que el número de microsatélites aumenta en aquellas regiones

genómicas abundantes en guaninas y citosinas, efecto que es más marcado en segmentos largos de GCs que en los cortos. (Dieringer, 2003). Además, repeticiones tri y hexanucleotidos abundan en regiones exónicas y el resto de las repeticiones en regiones no codificantes (Subramanian et al., 2003).

La vasta mayoría de los microsatélites se encuentran inmersos en el ADN no codificante ya sea el ADN intergénico o intrónico, pero también se encuentran en la proximidad de los elementos repetitivos dispersos tales como las regiones LINE y SINE. (Ellegren, 2004).

2.5.3.3.3 Aplicaciones de los STRs.

Los STRs al ser sistemas genéticos polimórficos codominantes y presentar una distribución homogénea a lo largo del genoma, se han venido utilizando de manera amplia para realizar estudios de ligamiento (Deng et al.2001) para identificar y localizar un gen de interés (Dib et al.1995) y en desórdenes monogénicos o poligénicos. Los STRs han sido útiles también para establecer el origen parental de una aneuploidía cromosómica (como el síndrome Down), para identificar la disomía uniparental (UPD), o para señalar los cromosomas normales y mutantes en el diagnóstico genético. Los STRs han sido de utilidad en el estudio de poblaciones humanas para determinar la ancestralidad, así como en estudios forenses, de paternidad y de trasplante, pero también para estudios de evolución del genoma, para detectar la inestabilidad del genoma en tumores, para estudiar la recombinación y para construir mapas de haplotipos que evalúan la diversidad humana (Ellegren, 2004).

2.5.3.3.4 Clasificación.

Los microsatélites se clasifican con base en dos criterios principales: el número de bases que contiene la unidad repetitiva y la estructura. El primer nivel de clasificación establece el tamaño del motivo repetido: si estos son de dos nucleótidos, el microsatélite se llamará dinucleotídico), si es de tres (tri), cuatro (tetra), cinco (penta), seis (hexa), etc. En el genoma humano se observa en promedio un STR por cada 2.000 pb, siendo los más comunes aquellos que contienen motivos de repeticiones dinucleotídicas. El dinucleótido con un motivo AC es el más común (50%), seguido por AT (35%); las repeticiones de trinucleótidos son menos

abundantes, siendo las más frecuentes los motivos AAT y AAC (33% y 21%, respectivamente) (Fan et al., 2007).

El segundo nivel de clasificación categoriza a los microsatélites según la estructura en STRs en simples, compuestos y complejos.

Los STRs simples contienen un motivo repetido un número n de veces: por ejemplo $(AC)_9$ - $_{15}$, esto es el dinucleótido AC tiene fragmentos de tamaño variable desde nueve repeticiones AC hasta 15. En ocasiones un STR simple puede tener una modificación en la que uno o más de sus alelos contiene la inserción o delección de una o dos bases y se le llama “*non-consensus alleles*” que en español se denominan micro-variantes o alelos no consensuados. Los STRs simples poseen en general bajas tasas de mutación y diferencias significativas entre poblaciones (Urquhart et al., 1994).

Los STRs compuestos son aquellos que contienen dos o más motivos repetidos $(GT)(TG)_{10}$; en general, estos sistemas poseen una tasa de mutación baja-media y más uniformidad entre los diferentes grupos poblacionales.

Los STRs complejos son aquellos que poseen combinaciones diversas sin ningún patrón definido, por tanto, las unidades repetitivas varían en tamaño y en secuencia $(ACC)_8(GA)_{12}(TTA)$. Se caracterizan por su elevado polimorfismo y gran complejidad, poseen numerosas unidades de repetición distintas gracias a numerosas delecciones o inserciones de tamaño diverso (Urquhart et al., 1994).

2.5.3.3.5 Nomenclatura.

La nomenclatura clasifica los microsatélites en dos categorías según su asociación o no con un gen referenciado. Los que se asocian a una región codificadora se distinguen con el nombre abreviado del gen que lo contiene y son ejemplos:

TPOX (tirosina peroxidasa), se localiza en el cromosoma 2p25.3 en las coordenadas genómicas (GRCh38): 2:1.413.460-1.542.728, dentro del gen TPO (OMIM 606765) que codifica para la enzima Peroxidasa Tiroidea. En el intrón 10 del gen TPOX se halla un STR tetranucleotídico con un motivo de repetición GAAT que tiene 15 alelos desde el alelo 4 $(GAAT)_4$ hasta $(GAAT)_{16}$ (Tabla 2). Otro ejemplo de un microsatélite localizado al interior de un gen es FGA (OMIM: 134820) que codifica para el polipéptido alfa del fibrinógeno, se

localiza en el cromosoma 4q31.3, en las coordenadas genómicas (GRCh38): 4:154.583.125-154.590.76 y contiene una secuencia repetida cuyo motivo es CTTT, con un total de 80 alelos (Tabla 2). Otros STRs localizados en el interior de un gen son VWA (OMIM 193400) y CSF1PO (CSF1R; OMIM 164770) (Tabla 2).

Los demás microsatélites derivan su nomenclatura a partir del cromosoma en donde se hallan, precedido de la letra D (DNA en inglés), junto con un número de registro que está precedido también de la letra S que hace mención a STR. Son ejemplos de este tipo de microsatélites: D3S1358 localizado en el cromosoma 3 y D5S818 localizado en el cromosoma 5, etc. (Tabla 2) (Van der Gaag et al., 2015).

2.5.3.3.6 Papel Biológico.

Los microsatélites que se usan para mapeo genético, estudios de ancestría, ligamiento y con propósitos forenses no están relacionados con enfermedades humanas así se encuentren en las regiones no codificantes presentes al interior de un gen (Usdin, 2008).

Una clase en particular de microsatélites del tipo trinucleótidos han sido el blanco de múltiples estudios ya que expansiones en su secuencia, tanto en regiones codificantes como no codificantes, se asocian a una variedad de entidades clínicas. De estos, aquellos que se encuentran en regiones intragénicas se ubican en regiones codificantes y no codificantes. Las codificantes como en los exones y las no codificantes como regiones UTRs (*untranslated regions*) e intrones (Usdin, 2008).

Los STRs trinucleótidos que se localizan dentro de un exón, traducen una proteína que contiene la expansión de un mismo aminoácido dado, causando que la proteína posea tramos variables de poliglutamina o polialanina, por ejemplo. La naturaleza exacta de cada desorden depende de la localización de cada repetición y de la función del gen en el cual se localiza la expansión (Messaed., 2009). En estas patologías la alteración de la función normal de la proteína que contiene el tramo expandido afecta la estabilidad y flexibilidad durante el proceso de conformación de la proteína (Messaed., 2009), otros efectos relacionados con este tipo de proteínas son la disfunción mitocondrial y la alteración del tráfico molecular intracelular, lo cual conlleva a una falla en la degradación adecuada de la proteína por el sistema de autofagia y el de ubiquitina-proteosoma (Orr et al., 2007).

Existen también desórdenes causados por expansiones de trinucleótidos en regiones no codificantes que modulan o controlan la expresión génica y la función del RNA. La mayoría de las veces la expansión causa remodelación de la cromatina o la activación de diversos mecanismos epigenéticos (Kumari et al., 2009). Aquellos STRs localizados en regiones promotoras, regiones no traducidas (UTRs) e intrones, son reguladores importantes de varios aspectos de la expresión génica tales como la transcripción, la estabilidad del ARN, la eficiencia del *splicing* e interacciones ARN y proteínas (Usdin, 2008).

Desorden regiones codificantes	Gen afectado	Repetición trinucleótidos	Localización de Repetición	# Repeticiones normales	Id. De Enfermedad →OMIM N°
DRPLA	ATN1	CAG	ORF	7-25	125370
HD	HTT	CAG	ORF	6-34	143100
SBMA	AR	CAG	ORF	11-24	313200
SCA1	ATXN1	CAG	ORF	6-39	164400
SCA2	ATXN2	CAG	ORF	15-29	183090
SCA3	ATXN3	CAG	ORF	13-36	109150
Desorden regiones no codificantes	Gen afectado	Repetición trinucleótidos	Localización de Repetición	# Repeticiones normales	Id. De Enfermedad →OMIM N°
DM1	DMPK	CTG	3' UTR	5-37	160900
DM2	CNBP	CCTG	INTRON 1	< 27	608768
FXS	FMR1	CGG	5' UTR	6-52	309550
FRAXE MR	AFF2/FMR3	CCG	EXTREMO 5'	6-25	309548
FRDA	FXN	GAA	INTRON 1	7-22	229300

SCA10	ATXN10	ATTCT	INTRON 9	10-29	603516
-------	--------	-------	----------	-------	--------

Tabla 1. Algunas enfermedades secundarias a la expansión de trinucleótidos en regiones codificantes y no codificantes.

Basada en: Usdin, Karen.2008. The biological effects of simple tandem repeats: Lessons from the repeat expansion diseases. *Genome Res.*Jul;18(7):1011-9

Realizada por Maria del Socorro Galeano Molina

2.5.3.3.7 CODIS.

El CODIS es un banco de perfiles genéticos creado por el FBI (*Federal Bureau of Investigations*) en los Estados Unidos de América. Se originó como un proyecto piloto en 1990, siendo posteriormente normalizado y formalizado en 1994. Con el CODIS se estableció el NDIS (*National DNA Index System*), a través del cual se recopila y almacena información genética de personas con interés judicial, particularmente de individuos involucrados en actos criminales, en casos forenses, de restos humanos sin identificar y personas desaparecidas, además, el CODIS, ha venido ampliando los criterios de inclusión particularmente en lo relativo a motivos judiciales (Hares, 2012).

Los microsatélites utilizados en el CODIS deben cumplir con algunos criterios para ser seleccionados para su uso, estos son: 1. La inexistencia de asociación entre el *locus* y una patología conocida. 2. Una tasa mutacional baja preferiblemente menor de 0.3%. 3. La inexistencia de desequilibrio de ligamiento entre el STR elegido y otros STRs. 4. Mostrar un poder elevado de discriminación para cada *locus* con una probabilidad de identidad <0.10%. 5. El conjunto de STRs debe ser *loci* que sean utilizados por la comunidad forense internacional fuera de los Estados Unidos de América. 6. Debe haber un balance entre el número de *loci* recomendados con el nivel de discriminación ofrecido. 7. Los *loci* deben cumplir con los estándares de aseguramiento de la calidad (QAS; *quality assurance standards*) en cuanto a validación, especificidad humana y otros, emitidos por el director del FBI (Butler, 2011).

Actualmente el CODIS es un sistema que contiene 20 *loci* microsatélites, aprobados desde el 1 de enero del año 2017 estos son: CSF1PO, FGA, TH01, TPOX, vWA, D3S1358, D5S818,

D7S820, D8S1179, D13S317, D16S539, D18S5 y D21S11 y los recientemente adicionados: D1S1656, D2S441, D2S1338, D10S1248, D12S391, D19S433 y D22S1045) (Hares, 2015). En el Reino Unido y gran parte de Europa se utilizan diez STRs, ocho de ellos son del CODIS, FGA, TH01, VWA, D3S1358, D8S1179, D16S539, D18S51, D21S11, junto con los *loci* D2S1338 y D19S433. En su totalidad estos *loci* son algunos de los marcadores utilizados a nivel mundial para identificación de individuos (Ge et al., 2012).

Tomando en cuenta la clasificación del microsatélite, cinco de los STRs del CODIS son de estructura simple: TPOX, CSF1PO, D5S818, D13S317 y D16S39. Cuatro microsatélites son compuestos: vWA, FGA, D3S1358 y D8S1179 y tres son simples con microvariantes: TH01, D18S51 y D7S820 y finalmente esta D21S11 el único complejo de este grupo. (Urquhart et al., 1994).

Locus	Cromosoma	Motivo Repetitivo	Longitud de la repetición	Nº Alelos
CSF1PO	5	TAGA	5-16	20
FGA	4	CTTT	12.2-51.2	80
TH01	11	TCAT	3-14	20
TPOX	2	GAAT	4-16	15
VWA	12	(TCTG)(TCTA)	10-25	28
D3S1358	3	(TCTG)(TCTA)	8-21	24
D5S818	5	AGAT	7-18	15
D7S820	7	GATA	5-16	30
D8S1179	8	(TCTA)(TCTG)	7-20	17
D13S317	13	TATC	5-16	17
D16S539	16	GATA	5-16	19
D18S51	18	AGAA	7-39.2	51
D21S11	21	(TCTA)(TCTG)	12-41.2	82

Tabla 2. Algunos de los STRs del CODIS utilizados a nivel comercial. Basada en:
<https://patents.google.com/patent/WO2012022821A1/es>
Realizada por Maria del Socorro Galeano Molina.

En la tabla se muestran algunos de los STRs usados actualmente incluyendo los del CODIS, junto con la localización cromosómica, el motivo de repetición, el rango y el número de alelos. Se observa, además, que de manera general casi todos los STRs tiene un motivo de repetición de cuatro nucleótidos (tetra-nucleótidos). Como se puede ver CSF1PO y D5S818 se encuentran en el cromosoma 5, pero separados por una distancia de 26 megabases (mb).

2.5.3.3.8 Mecanismos mutacionales.

En todo lo largo del genoma ocurren de manera natural cambios, mutaciones y re-arreglos que modifican la secuencia del ADN. En particular, las secuencias repetitivas en tándem han sido estudiadas para entender los mecanismos responsables de su gran variabilidad y polimorfismo. La tasa mutacional en loci microsatélite se estima entre 10^{-3} y 10^{-5} por locus por generación (Crozier et al., 1999). Cada STR presenta una tasa mutacional que varía entre *loci*, con un número diverso de alelos y diferencias entre especies (Eckert & Hile, 2009)

La evolución de los microsatélites es un proceso dinámico, las mutaciones representan un estado transicional durante la evolución de estos *loci*. La tasa mutacional se encuentra influenciada por factores tales como el sexo del individuo, la estructura de la unidad repetida y su longitud, se han reportado tasas mutacionales 5 veces más altas en alelos transmitidos por vía paterna probablemente debido al mayor número de divisiones celulares en el proceso de la espermatogénesis en comparación con la ovogénesis (Ellegren, 1997) sin embargo el factor más importante que afecta la tasa mutacional es la longitud del microsatélite: entre más unidades repetitivas habrá mayor posibilidad de deslizamiento de la polimerasa durante la replicación, la baja tasa mutacional en *Drosophila* se debe a que los microsatélites son más cortos en las moscas que en los vertebrados (Eckert & Hile, 2009).

Cambios en la longitud de los microsatélites se originan principalmente por eventos de deslizamiento de la ADN polimerasa. En las secuencias repetitivas es frecuente la formación de estructuras secundarias, como asas o giros, las cuales causan una pausa de la polimerasa durante el proceso de la replicación (Mitas, 1997). El fenómeno de deslizamiento de la ADN polimerasa se describe como la disociación transitoria de la enzima polimerasa de la hebra molde de replicación con una posterior re-asociación desalineada que conduce a la inserción o deleción de unidades repetidas (figura 4). La ADN polimerasa produce errores en los microsatélites con una frecuencia que es de 10 a 100 veces mayor que la frecuencia de las mutaciones que causan el corrimiento del marco de lectura en las regiones codificadoras (Eckert & Hile, 2009)

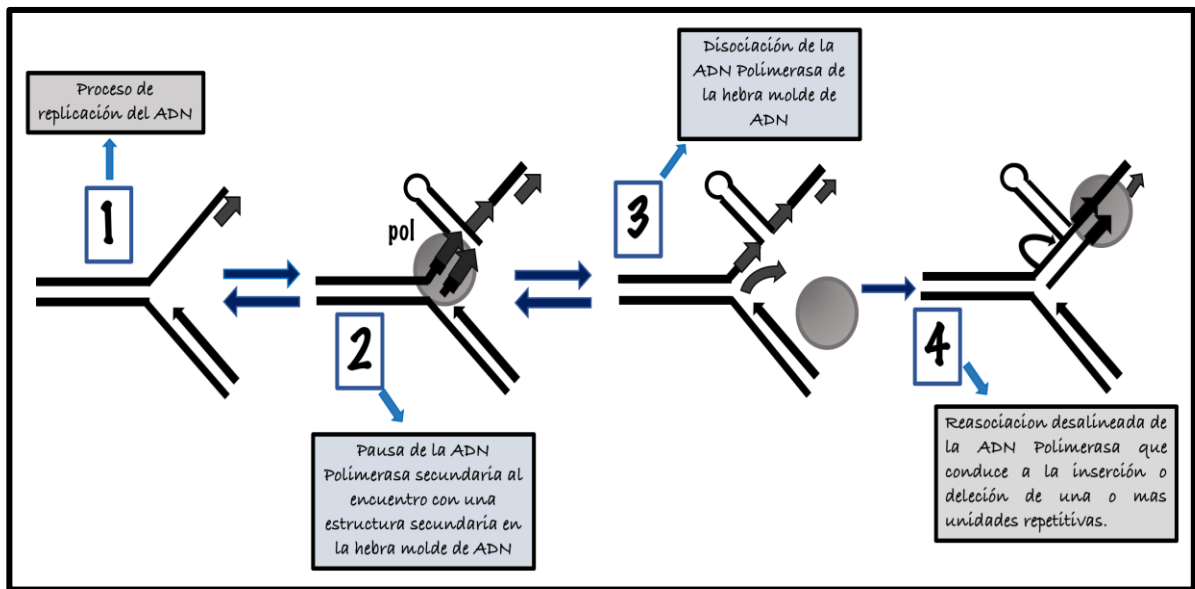


Figura 4. Esquema del proceso del deslizamiento de la ADN Polimerasa.
 Basada en: Replication slippage involves DNA polymerase pausing and dissociation.
 Modificado por Maria del Socorro Galeano Molina.

Aunque en un inicio se pensó que el deslizamiento de la ADN polimerasa era el único mecanismo causal de la inestabilidad de los microsatélites, estudios posteriores evidenciaron que la conversión génica generada durante la recombinación homóloga y el *crossing over*

desigual, también tienen un papel importante. Hoy en día se acepta que los mecanismos involucrados en la síntesis de una nueva molécula de ADN, como son la replicación, la recombinación y la reparación, generan nuevos microsatélites (Eckert & Hile, 2009).

La mayoría de estas mutaciones son corregidas por el sistema de reparación del ADN, pero aquellas que escapan de ese sistema son las que producen los diferentes microsatélites (Eckert & Hile, 2009).

La alta tasa mutacional de *loci* de microsatélites hace posible que los eventos mutacionales sean estudiados por diversos métodos, secuenciación o directamente por análisis de pedigrís. Este es el método más directo para poder observar la transmisión del alelo de progenitores a hijos, un alelo mutante se identifica porque difiere en tamaño del alelo del progenitor, en estos casos el análisis de otros *loci* son necesarios para confirmar que la causa de la discrepancia no sea un error de genotipificación. Una limitación de esta aproximación es el no poder conocer de manera certera que progenitor es el responsable de la mutación; por consenso general se ha establecido que es el alelo que exhibe el menor cambio mutacional (Ellegren, 2004).

Las mutaciones son procesos heterogéneos, la mayoría de los estudios encuentran que el 15% de los eventos mutacionales son multipaso; sin embargo, los tres estudios más grandes en humanos presentan resultados contradictorios. Ellegren y Xu encontraron el 11 al 14% de mutaciones multipaso en una muestra de 102 y 236 mutaciones respectivamente; mientras que, en contraste, Huang en un análisis de 97 eventos mutacionales reportó un 63% de cambios multipaso. La causa de esta discrepancia no es clara, puede ser que algunos *loci* sean más susceptibles a grandes cambios que otros. En otras especies como el Pez Cebra se encontró un 68% de cambios multipaso (Ellegren, 2004).

Respecto a la evolución de los microsatélites se han propuesto varios modelos que han sido aplicados en diversos contextos matemáticos y biológicos, en genética de poblaciones los más aplicados son:

Modelo de dos pasos/ stepwise mutation model (SMM), modelo más simple para explicar la evolución de los microsatélites, propuesto por Ohta y Kimura en 1973, en este modelo una vez ocurre una mutación en una secuencia repetitiva, una unidad es ganada o perdida, si se

gana llevará a una expansión, mientras que si se pierde, ocurre una contracción de la secuencia (Sainudiin, 2004).

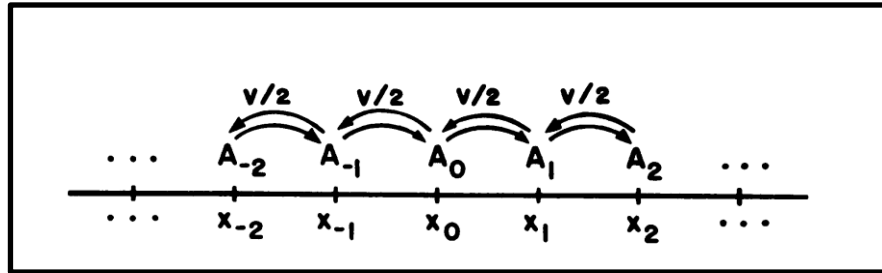


Figura 5. Modelo mutacional por pasos (SMM)

$v/2 \rightarrow$ representa la tasa mutacional por locus

$A \rightarrow$ representa a cada uno de los alelos

A_0, A_1, A_2 si el evento mutacional produce ganancia de una unidad repetida

A_{-1} y A_{-2} ante la pérdida de una unidad repetida.

Otros modelos son: el **Modelo de dos fases** bajo el cual una vez ocurre una mutación en una secuencia repetitiva se causa un incremento o reducción de una unidad repetitiva (primera fase) o más de una unidad repetitiva (dos fases); es decir, considera la posibilidad de que se genere más de una unidad repetitiva. Estos dos modelos tienen en común que ambos asumen la aparición de eventos mutacionales en microsatélites a una tasa constante (Sainudiin, 2004).

Modelo de alelos infinitos, bajo el cual diversas mutaciones que se generan en los microsatélites pueden crear un número infinito de unidades repetitivas, cada mutación generada crea un alelo nuevo.

Finalmente está el **Modelo de alelo-k** el cual propone que existen K estados alélicos y que existe la probabilidad de que se generen K-1 alelos (Anmarkrud, 2008).

Existen otros modelos más específicos aplicados a casos particulares. Por ejemplo, un modelo que trata de explicar los mecanismos mutacionales según la longitud del microsatélite. Los STRs largos han sido muy estudiados principalmente porque se encuentran sobre representados en el genoma ((Bell & Jurka, 1997). Esta sobre representación ha sido

analizada a través del modelo *random walk*, modelo que incorpora dos fuerzas que actúan sobre esta clase de microsatélites: por un lado, está el deslizamiento de la ADN polimerasa ya mencionado y por el otro está la sustitución de bases que interrumpe la unidad repetitiva. Otro modelo, el de **cadena de Markov**, es un modelo que explica la evolución de los microsatélites en diversos organismos eucariotas, al igual asume que el deslizamiento de la ADN polimerasa es el principal mecanismo mutagénico responsable del cambio en el número de unidades repetitivas, también considera el fenómeno de la sustitución de bases de una manera estable y especie específica (Calabrese, Durret, & Aquadro, 2001).

Respecto a la dinámica mutacional de microsatélites cortos, los estudios son controversiales algunos sugieren que esta clase de microsatélites no mutan por deslizamiento de la ADN polimerasa y otros concluyen que los microsatélites cortos también mutan por los mismos mecanismos que los largos (Pupko & Graur 1999).

2.6 Genética de poblaciones aplicada a los estudios de identificación humana.

Los estudios de identificación humana son frecuentemente utilizados para establecer el vínculo biológico entre las personas mediante pruebas de filiación y, en el caso de las pruebas de paternidad o maternidad, para establecer específicamente la relación entre una persona y su progenitor. Desde el punto de vista práctico, la prueba requiere inicialmente del análisis molecular de un conjunto de *loci* genómicos, seguido de la comparación de los genotipos obtenidos entre los individuos en cuestión, para luego estimar la eficiencia alcanzada por la prueba mediante indicadores estadísticos. Para obtener los indicadores estadísticos son necesarios estudios de frecuencias alélicas y genotípicas, así como de otros indicadores matemáticos poblacionales para cada *locus*, los cuales proceden del ámbito de la genética de las poblaciones humanas.

En el caso de las pruebas de paternidad, maternidad o filiación, el propósito principal es conocer si los sistemas analizados en las personas en cuestión coinciden o no; en tales situaciones pueden suceder dos posibilidades: que no coincidan varios genotipos o que coincidan todos. En el primer caso, la probabilidad de que exista un vínculo biológico entre los interesados es mínima; mientras que en el segundo, aunque la probabilidad de coincidencia sea alta, siempre habrá un nivel de duda o incertidumbre sobretodo si el progenitor en

cuestión es o no el padre biológico. Para resolver este dilema es necesario conocer cuántas personas en la población general poseen el mismo genotipo del progenitor alegado, cuestión que se puede resolver mediante un análisis bioestadístico que compara las dos hipótesis: que el progenitor alegado (sea este padre o madre), sea el padre o madre biológico, comparada con la hipótesis de que sea un progenitor tomado al azar de la población; es aquí donde radica la importancia de las pruebas bioestadísticas para el análisis de los resultados (Carracedo & Prieto, 2014).

La introducción de los métodos estadísticos en las ciencias forenses supuso el paso de una medicina forense empírica o basada en la experiencia, a una medicina forense basada en la evidencia. La idea de la teoría de la probabilidad se materializó gracias al teorema de Bayes, propuesto por el matemático inglés Thomas Bayes (Carracedo & Prieto, 2014), que es el principio matemático utilizado en las pruebas forenses para estimar la probabilidad *a posteriori* de un suceso (obtenida a través de modificaciones y condiciones) a partir de una probabilidad inicial (que se denomina *a priori*). La probabilidad *a priori* es aquel valor previo a la realización de un experimento, el cual puede ser neutro, por ejemplo 0.5, o bien puede estar basado en la experiencia previa del laboratorio (un valor de probabilidad de 0.7 expresa la proporción real de no exclusiones que se tiene). La probabilidad *a priori* es entonces modificada hacia una probabilidad *a posteriori*, una vez se obtienen los resultados genéticos, y se toma en cuenta tanto la población de referencia como otros factores que alteran la composición genética (migración, selección, deriva genética o mutación), que se pueden estudiar a través de la aplicación de la ley del equilibrio de Hardy-Weinberg.

2.6.1 Parámetros estadísticos poblacionales

2.6.1.1 Equilibrio de Hardy Weinberg

El principio de Hardy Weinberg describe como las frecuencias genotípicas de una generación permiten predecir las frecuencias de la siguiente generación, es decir establece que la composición genética de una población en un momento dado permanece en equilibrio mientras cumpla ciertas características tales como: sus miembros se deben aparear de forma aleatoria, es decir, la posibilidad de cada uno de ellos de ser escogido es la misma, y sobre

ella no deben actuar ciertas fuerzas evolutivas tales como: mutación, migración, selección natural y la deriva genética (McMurrin, 2010).

La **mutación** se le considera el primer mecanismo que genera nuevos alelos dentro del acervo génico de una población. La **migración** y los fenómenos migratorios se definen como el movimiento de individuos entre poblaciones. La **selección natural** es un fenómeno propuesto por Darwin como medio para explicar la evolución biológica, en el que se afirma que gracias a la adquisición de ciertas características heredables o rasgos, los miembros de una población sobrevivirán y, aquellos que no poseen esas características que los hacen mejor adaptables, morirán con mayor probabilidad (la variabilidad del rasgo genera supervivencia ya que se traduce en el éxito reproductivo que finalmente producirá un efecto expansivo de la población que, en la biología evolutiva moderna, se considera la principal causa del origen de las especies (Hallatschek, 2011)). La **deriva genética** es un mecanismo evolutivo a través del cual las frecuencias alélicas de una población cambian de generación en generación debido al azar y ocurre en todas las poblaciones, pero su efecto es mayor en las poblaciones pequeñas (cuando una población es reducida en tamaño por ejemplo por un desastre natural, un efecto de cuello de botella o cuando un grupo es aislado de la población para fundar una nueva colonia, a lo que se le llama efecto fundador); las poblaciones más grandes son menos susceptibles a los efectos de la deriva genética simplemente porque el tamaño de la muestra es mayor y la probabilidad de que un alelo se fije o se pierda en las siguientes generaciones es menos probable, simplemente porque el acervo alélico en esa población es muy grande; por el contrario, en una población pequeña con un menor número de genes la probabilidad de que la frecuencia alélica de un alelo determinado cambie por azar es mucho mayor. El efecto de cuello de botella y el efecto fundador son ejemplos de deriva genética: el primero ocurre cuando la población es abruptamente reducida por fenómenos como desastres naturales o muertes masivas, en estas situaciones solo queda un grupo de sobrevivientes, cuyas frecuencias alélicas son muy diferentes de las frecuencias alélicas de la población original. Por otra parte, el efecto fundador es otro ejemplo de deriva genética, aquí una nueva colonia es formada al producirse un aislamiento de la población original, sucede lo mismo que en el cuello de botella, ocurre un cambio en las frecuencias alélicas con respecto a la

población original solo que el mecanismo es diferente, la formación de una nueva colonia en vez de una pérdida secundaria a alguna catástrofe (Hallatschek, 2011).

En poblaciones mixtas se ha descrito que una de las causas principales de desviación del equilibrio de Hardy Weinberg es la presencia de bloques haplotípicos ancestrales los cuales poseen una baja tasa de recombinación y causan desequilibrio de ligamiento (*The Evaluation of Forensic DNA Evidence, 1997*) Excerpt from the Executive Summary of the National Research Council Report.; 1997) aun en *loci* localizados en cromosomas diferentes, este tipo de desequilibrio de ligamiento se conoce como “*long range linkage disequilibrium*” (Koch, Ristroph, and Kirkpatrick 2013).

2.6.1.2 Heterocigosidad

Este valor representa la probabilidad de que dos alelos del mismo *locus* y tomados al azar en la población sean diferentes. La variabilidad genética de una población se mide como la heterocigosidad media por *locus*; este parámetro estadístico es el mejor para evaluar la variabilidad de una población, siempre y cuando se aplique a un número elevado de *loci* escogidos al azar.

Cuando el número de *loci* no es elevado, ni estos son seleccionados al azar, la heterocigosidad no es un buen indicador de la variabilidad real presente en una población. La heterocigosidad se puede dividir en heterocigosidad esperada y observada.

La heterocigosidad observada para un *locus* se define como el número de individuos heterocigotos observados con respecto al total analizado; mientras la heterocigosidad esperada es el valor que se espera obtener si una población determinada en estudio se encuentra en equilibrio de Hardy-Weinberg. (https://guia_docente/uploads/2013/446/42122/1/Documento12.pdf).

La heterocigosidad esperada se calcula como 1 menos el valor de homocigosidad. La **homocigosidad** se define como la suma de las frecuencias alélicas, elevadas al cuadrado, de los alelos que conforman un determinado *locus* y se calcula a partir de la siguiente fórmula:

$$\sum_{i=1}^k (n_j/n)^2$$

Mientras que la **heterocigosidad** se estima mediante la fórmula:

$$H = \frac{n}{(n-1)} \left[1 - \sum_{j=1}^k (n_j/n)^2 \right] = \frac{n}{(n-1)} \left[1 - \sum_{j=1}^k (p_j)^2 \right]$$

En donde n representa al número total de individuos, k el número de alelos totales y p_j la frecuencia alélica del alelo j (Nei 1974); de manera más simple, es la sumatoria de las frecuencias de los alelos, elevada al cuadrado, que componen un *locus*. Por ejemplo, si se tiene un sistema de cuatro alelos que conforman un *locus* y cada uno de ellos tiene una frecuencia de 0.25, entonces:

$$\text{heterocigosidad} = 1 - ((0.25)^2 + (0.25)^2 + (0.25)^2 + (0.25)^2) = 0.75$$

2.6.2 Parámetros estadísticos forenses

2.6.2.1 Probabilidad de discriminación.

Se define como la probabilidad de que dos individuos tomados al azar, no relacionados, que se encuentran en la misma población puedan ser diferenciados mediante el uso de un sistema genético o de un conjunto de sistemas genéticos. Inicialmente este concepto fue aplicado en el campo de la ecología y posteriormente, Fisher en 1951, lo aplicó a la genética de los grupos sanguíneos. Lo opuesto a la probabilidad de discriminación es la probabilidad de no discriminación o probabilidad de *matching*, o también *random match probability*, la cual se define como la probabilidad de que dos individuos elegidos al azar tengan idénticos genotipos en un sistema dado o en una serie de sistemas genéticos (Botstein 1980).

Esta probabilidad *matching* es el producto de una serie de probabilidades y se define como:

$$PM_l = \sum_i \tilde{G}_{il}^2$$

En donde G es la frecuencia del genotipo i para el marcador l . Siguiendo la definición antes descrita, la probabilidad de discriminación (PD) será:

$$PD = 1 - PM_l \quad \text{Es decir} \quad PD = 1 - \sum_i \tilde{G}_{il}^2$$

Cuando se calculan los valores para n sistemas, la probabilidad de *matching* (PM) será:

$$PM = (PM_a)(PM_b)(PM_c) \dots (PM_l)(PM_n)$$

Y la probabilidad de discriminación (PD) será:

$$PD = 1 - (PM_a)(PM_b)(PM_c) \dots (PM_l)(PM_n)$$

La probabilidad de que dos individuos tengan los mismos genotipos para una serie de marcadores es una función dependiente de las frecuencias de los genotipos en la población. Si todos los individuos tienen el mismo genotipo, la probabilidad de discriminación es 0 para ese sistema; por el contrario, la máxima probabilidad de discriminación se alcanza cuando todas las frecuencias genotípicas son igualmente frecuentes $p_1 = p_2 = p_3 = 1/K$, donde K es el número de alelos en el sistema (Botstein 1980).

Evidentemente, la capacidad global para discriminar entre individuos se incrementa con cada sistema genético adicional empleado.

2.6.2.2 Probabilidad de exclusión.

Se define como la probabilidad de excluir a un padre que ha sido tomado al azar de la población, es decir la probabilidad de que un sistema genético excluya a un presunto padre, este parámetro permite establecer la proporción de individuos falsamente incluidos como padres.

En los sistemas codominantes con dos alelos, la probabilidad de exclusión (PE) se estima con la fórmula:

$$PE_i = 1 - \left(\sum_{i=1}^n p(A_i) \right)^2$$

En los sistemas con n alelos, la probabilidad de exclusión (PE) se estima con la fórmula:

$$PE = 1 - \prod_i (1 - PE_i)$$

2.6.2.3 Contenido de información polimórfica

El grado de polimorfismo se mide comúnmente a través de dos parámetros: uno de ellos es la heterocigosidad ya expuesta y el otro es el **contenido de información polimórfica (PIC)** de un *locus*, el cual se obtiene a partir de la H_e (heterocigosidad esperada) y ofrece una medida del grado de información proporcionado por un determinado sistema genético o microsatélite (Casella, 1990).

$$PIC_j = 1 - \sum_{i=1}^n p_i^2$$

i = representa un alelo del marcador j

n = número de alelos del marcador j

p = frecuencia alélica del alelo i .

Frecuencias alélicas	Formula	PIC
$p1 = 0.5, p2 = 0.5$	$1 - (0.5^2 + 0.5^2)$	0.50
$p1 = 0.4, p2 = 0.6$	$1 - (0.4^2 + 0.6^2)$	0.48
$p1 = 0.3, p2 = 0.7$	$1 - (0.3^2 + 0.7^2)$	0.42

Tabla 3. Algunos ejemplos sobre como calcular PIC en marcadores bialelicos.

Frecuencias alélicas	Formula	PIC
$p1 = 0.33, p2 = 0.33, p3 = 0.33$	$1 - (0.33^2 + 0.33^2 + 0.33^2)$	0.67
$p1 = 0.4, p2 = 0.3, p3 = 0.3$	$1 - (0.4^2 + 0.3^2 + 0.3^2)$	0.66
$p1 = 0.7, p2 = 0.2, p3 = 0.1$	$1 - (0.7^2 + 0.2^2 + 0.1^2)$	0.46

Tabla 4. Algunos ejemplos sobre como calcular PIC en marcadores multialélicos.

De los datos anteriores se puede concluir que aquellos *loci* que exhiben frecuencias iguales para cada uno de sus alelos tienen mayores valores de PIC, al igual que aquellos *locus* que cuentan con un mayor número de alelos (Molecular Markers and Phylogenetics, 2012).

2.6.2.4 Razón de verosimilitud (rv) o likelihood ratio:

La RV es un cociente que compara dos hipótesis, una en favor de la paternidad y otra en contra de la paternidad. La RV estudia la probabilidad de haber obtenido los resultados del análisis genético bajo las dos hipótesis mencionadas y mide cuantas veces es más probable

haber obtenido los resultados genéticos, si suponemos que los individuos mencionados son padre e hijo en comparación al supuesto de que no lo son.

Como ya se informó la RV es un cociente que considera dos hipótesis:

H_0 = El presunto padre es el padre del hijo

H_1 = El presunto padre no es el padre del hijo

De tal forma que el cociente queda:

G_0 = es la evidencia científica encontrada asumiendo cada una de las hipótesis.

RV = Probabilidad del hallazgo científico suponiendo que el presunto padre es el padre del hijo

En donde $RV = P(G_0/H_1) / P(G_0/H_2)$

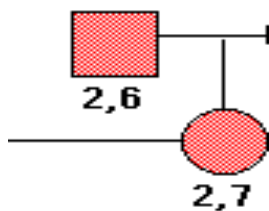
Cuando el resultado de la RV es igual a 1, la evidencia es neutra y apoya por igual a las dos hipótesis. Cuando la RV es menor de 1, la evidencia apoya la hipótesis alternativa (H_1) y cuando es mayor de 1, la evidencia genética apoya la hipótesis que asume que el presunto padre es el padre del hijo (H_0).

La idea de este parámetro estadístico es poder calcular la probabilidad de que determinado perfil genético ocurra dadas las dos posibilidades y no como ocurre en muchas situaciones en las cuales erróneamente se calcula la probabilidad de la hipótesis.

Por ejemplo, se consideran las siguientes hipótesis para establecer la relación entre un hombre, el presunto padre (PP) y el hijo:

H_0 : el PP es el padre del hijo.

H_1 : el PP no es el padre del hijo.



En este caso el padre y el hijo comparten el alelo 2, lo cual sugiere que podría tratarse de una paternidad. Entonces, la probabilidad de encontrar estos genotipos asumiendo la hipótesis 0 es:

Como el padre es heterocigoto la frecuencia del genotipo en la población es $2pq$; es decir, en este ejemplo $2(f_2 \cdot f_6)$, dado que el padre le trasmite al hijo el alelo 2 el cual se segrega con una probabilidad de 0.5 y el alelo 7 viene de la madre cuyo perfil desconocemos, por lo tanto, tomamos la frecuencia de este alelo en la población.

$$H_0: 2(f_2 \cdot f_6) = (0.5 \cdot f_7)$$

Por otro lado, si asumimos la hipótesis 2 en la cual no hay relación alguna entre el PP y el hijo, la probabilidad de encontrar esos genotipos es el resultado de la probabilidad de encontrar dos individuos al azar en la población que tengan esos genotipos:

$$H_2: 2(f_6 \cdot f_2) \times 2(f_2 \cdot f_7)$$

$$RV = H_0/H_2$$

$$RV = 2(f_2 \cdot f_6) \times (0.5 \cdot f_7) / 2(f_2 \cdot f_6) \times 2(f_2 \cdot f_7)$$

$$RV = 1/4f_7$$

La frecuencia del alelo 2 en la población de referencia x es de 0.04

$$RV = 1/4 \times 0.04$$

$$RV = 1/0.16$$

$$RV = 6.25.$$

(https://alojamientos.uva.es/guia_docente/uploads/2013/446/42122/1/Documento12.pdf)

2.7 Estudios poblacionales en Colombia

A partir de la década de los 90, se han desarrollado varios estudios genético-poblacionales en el país algunos con propósitos forenses y otros que buscan determinar la ancestralidad y la estructura genética de los colombianos y de subpoblaciones específicas.

En el año 2003 se publicaron los primeros estudios sobre marcadores microsatélites en mestizos provenientes de Bogotá y Boyacá (Rey et al., 2003), y también se reportaron las frecuencias alélicas y los valores de estadísticos poblacionales y forenses de 8 microsatélites autosómicos en 6 departamentos (Acosta et al., 2003).

Otros estudios se han realizado en poblaciones de Antioquia (Bravo et al., 2004;), la Costa Caribe: Cartagena y la isla de San Andrés (Martínez, 2006). Por último, los dos estudios con mayor cobertura del territorio nacional fueron descritos en el año 2003 y versó sobre el análisis de 13 microsatélites que conforman el CODIS en 1.429 individuos provenientes de

25 departamentos de Colombia (Paredes et al., 2003) y en el año 2005 se reportaron frecuencias alélicas de 15 microsatélites incluyendo Penta D y Penta E en 8170 individuos de 13 departamentos (Yunis, 2005). En adición y en el año 2009, otros autores mostraron estadísticos poblacionales para 15 microsatélites autosómicos de interés forense en una muestra de 617 individuos provenientes de 13 departamentos de Colombia (Sánchez et al., 2009).

3. JUSTIFICACIÓN

Presentar una base de datos actualizada con amplia cobertura nacional de los principales parámetros estadísticos poblacionales y forenses analizando a Colombia de manera global, por departamentos y por regiones.

4. OBJETIVOS

OBJETIVO GENERAL

- Caracterización de 23 *loci* microsatélites analizando a Colombia de manera global, por departamentos y regiones de Colombia.

OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Determinar frecuencias alélicas para 23 microsatélites autosómicos (CSF1PO, FGA, SE33, TH01, TPOX, VWA, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, D13S317, D16S539, D18S51, D21S11, D1S1656, D2S441, D2S1338, D10S1248, D12S391, D19S433, D22S1045, Penta D y Penta E) analizando a Colombia de manera global, por departamentos (Antioquia, Atlántico, Bogotá, Bolívar, Boyacá, Caldas, Cauca, Cesar, Choco, Córdoba, Cundinamarca, Huila, La Guajira, Magdalena Nariño, Norte de Santander, Quindío, Risaralda, Santander, Sucre, Tolima y Valle del Cauca), y regiones (Caribe, Pacífica, Andina y la Orinoquia y Amazonia).
- Determinar parámetros estadísticos poblacionales y forenses tales como: heterocigosidad observada (H_o) y esperada (H_e), equilibrio de Hardy Weinberg, poder de discriminación (PD), el poder de exclusión (PE) y el contenido de información polimórfica (PIC) e índice típico de paternidad (PTI) para 23 microsatélites autosómicos (CSF1PO, FGA, SE33, TH01, TPOX, VWA, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, D13S317, D16S539, D18S51, D21S11, D1S1656, D2S441, D2S1338, D10S1248, D12S391, D19S433, D22S1045, Penta D y Penta E) analizando a Colombia de manera global, por departamentos (Antioquia, Atlántico, Bogotá, Bolívar, Boyacá, Caldas, Cauca, Cesar, Choco, Córdoba, Cundinamarca, Huila, La Guajira, Magdalena Nariño, Norte de Santander, Quindío, Risaralda,

Santander, Sucre, Tolima y Valle del Cauca), y regiones (Caribe, Pacífica, Andina y la Orinoquia y Amazonia).

- Comparar los resultados de los parámetros estadísticos poblacionales y forenses obtenidos en el presente trabajo con los resultados reportados en otros trabajos.
- Determinar si hay subestructura poblacional en Colombia.

5. MATERIALES Y MÉTODOS

5.1 Recolección de muestras

Las muestras procedieron de individuos no relacionados provenientes de diferentes departamentos de Colombia y que asistieron voluntariamente para la realización de una prueba de paternidad al laboratorio Genética Molecular de Colombia, en el periodo comprendido entre el mes de agosto del año 2011 al mes de febrero del año 2017.

En todos los casos se obtuvieron consentimientos informados en mayores de edad y consentimiento de los padres cuando alguno o ambos progenitores fueron menores de edad, previos a la toma de las muestras. Las muestras tomadas fueron o bien sangre, la cual se obtuvo mediante punción capilar con lanceta o bien células de la mucosa bucal obtenidas mediante un frotis del interior de la mejilla. En ambos casos, las muestras fueron transferidas a una tarjeta FTA (Whatman FTA Card Technology, Merck®), cada una de las cuales fue rotulada, identificada y verificada por cada uno de los participantes, conservándose una contramuestra, según normas usuales de cadena custodia. Se tomaron copias de los documentos de identificación, la firma de los participantes o sus representantes, las huellas del dedo pulgar e índice derecho de los adultos y una fotografía del grupo familiar. El número total de participantes en el estudio fue de 14.099 individuos.

Los datos analizados se organizaron en hojas de Excel. La muestra poblacional se analizó de manera global y se agrupó de acuerdo con las divisiones políticas de Colombia, esto es, por departamentos para un total de 21, por regiones (En la tabla 5 y 6 se muestra el número de participantes según departamento y región) y la capital de Bogotá, excluyéndose a los hijos para evitar alelos duplicados. El estudio entonces cuenta con 9.610 individuos de la generación parental.

Departamento	Número de participantes
Antioquia	174
Atlántico	532
Bogotá	2.198
Bolívar	159
Boyacá	1.436
Caldas	123
Cauca	169
Cesar	231
Chocó	20
Córdoba	64
Cundinamarca	648
Huila	163
La Guajira	69
Magdalena	148
Nariño	290
Norte De Santander	656
Quindío	43
Risaralda	58
Santander	399
Sucre	83
Tolima	293
Valle Del Cauca	519

Tabla 5. Número de participantes por departamento.

Departamento	Número de participantes
Región Andina	6191
Región Caribe	1286
Región Pacifico	998
Región de la Amazonia y la Orinoquia	1135
Total	9610

Tabla 6. Número de participantes por región

5.2 Extracción de ADN

En todas las muestras se realizó la extracción de ADN utilizando el método de Whatman-FTA, a partir de un rodete de papel de 1 mm de diámetro impregnado de sangre seca o de saliva, siguiendo las instrucciones del fabricante y de acuerdo con el procedimiento operacional estándar del laboratorio (GMC-MP-P012).

5.3 Amplificación por PCR

Se realizó una amplificación mediante el método de PCR multiplex usando secuencias de cebadores (*primers*), temperaturas y tiempos que corresponden a las recomendadas por el fabricante de los estuches comerciales usados por el laboratorio: Power Plex 16 HS System™ (Promega Corporation) (Tabla 7), AmpFLSTR™ Identifiler™ PCR Amplification Kit (Applied Biosystems™) (Tabla 8) y NGM Select™ Kit (Applied Biosystems™) (Tabla 9). En todos los casos la amplificación se realizó en un termociclador C1000 Touch™ Thermal Cycler/Bio-Rad y las condiciones de la amplificación fueron ajustadas según el proceso de puesta a punto del laboratorio para cada uno de los estuches (GMC-MP-P013).

En todos los casos se obtuvo un volumen final de reacción de 12.5µl.

	Temperatura	Tiempo	Ciclos
Incubación inicial	95°C/96°C	10 min/1 min	1/1
Desnaturalización	94°C	30 segundos	12
Apareamiento	60°C	30 segundos	12
Extensión	90°C	30 segundos	22
Extensión Final	60°C	30 segundos	1
Final	4°C	10 minutos	1

Tabla 7. Programa de amplificación para el kit Power Plex 16 System

	Temperatura	Tiempo	Ciclos
Incubación inicial	95°C	11 minutos	1
Desnaturalización	94°C	1 minuto	24
Apareamiento	59°C	1 minuto	24
Extensión	72°C	1 minuto	24
Extensión Final	60°C	60 minutos	1
Final	12°C	10 minutos	1

Tabla 8. Programa de amplificación para el kit Identifiler.

	Temperatura	Tiempo	Ciclos
Incubación inicial	95°C	11 minutos	1
Desnaturalización	94°C	1 minuto	22
Apareamiento	59°C	1 minuto	22
Extensión	72°C	1 minuto	22
Extensión Final	60°C	60 minutos	1
Final	12°C	10 minutos	1

Tabla 9. Programa de amplificación para el kit NGMSElect.

5.4 Electroforesis capilar

La electroforesis capilar es un método basado en la introducción de fragmentos de ADN en un tubo de vidrio ultradelgado, denominado capilar, el cual contiene un polímero de soporte para la migración en un campo eléctrico. Los amplicones son forzados a desplazarse a través de este campo y la velocidad de migración está condicionada al tamaño de cada fragmento, los cuales son detectados por la presencia de fluorocromos o fluoróforos que se hallan adheridos a los cebadores (*primers*), con lo cual es posible reconocer cada amplicón de acuerdo con el tamaño y peso molecular.

Los resultados de la amplificación mediante PCR se analizaron utilizando los analizadores genéticos ABI310 o ABI3500. En los análisis se emplearon controles y escaleras alélicas

secuenciadas y suministradas en el estuche comercial. El tipaje y la asignación alélica se realizó utilizando el software *gene-mapper*. Las discrepancias generadas durante la asignación de alelos se resolvieron de manera manual mediante la comparación de los alelos presentes en la muestra con los alelos presentes en la escalera alélica y con aquellos observados en el control positivo.

El laboratorio se halla certificado y acreditado bajo las normas ISO 9001:2015 e ISO 17025:2005, respectivamente.

5.5 Análisis estadístico

Se calcularon las frecuencias alélicas para cada *locus* y otros estadísticos poblacionales como heterocigosidad observada (H_o) y esperada (H_e) y equilibrio de Hardy Weinberg por medio del software GDA (*genetic data analysis*). Se realizó además la estimación de diferentes parámetros de interés forense como son: el poder de discriminación (PD), el poder de exclusión (PE) y el contenido de información polimórfica (PIC) e índice típico de paternidad (PTI) mediante el programa Power Stats V12.Xls® (Promega Corporation®, Madison, WI. USA).

El análisis de la estructura genética de la población colombiana se realizó con el programa Structure v 2.3.4, (Pritchard et al.,2000) el cual por medio de un algoritmo bayesiano realiza la asignación probabilística de individuos a poblaciones, permitiendo así la formación de subgrupos cuyos miembros comparten patrones de variación genética similares. El análisis estadístico utiliza una serie de MCMC (Cadena de Márkov Monte Carlo) después de un periodo de *burn-in* en el cual se realizan una serie de iteraciones iniciales antes de que el programa realice las corridas definitivas, el objetivo principal de este periodo es evitar asignaciones por azar.

Los parámetros utilizados fueron: el modelo admixture el cual asume que los individuos analizados poseen ancestría mixta, se realizaron 100.000 iteraciones en el periodo de burn in seguido por 100.000 iteraciones más MCMC (Cadena de Márkov Monte Carlo) posteriores al periodo inicial o de pre estimulación, el rango de poblaciones K fue de 1 a 10 y el número de ciclos fue de 10 para cada una de las poblaciones.

Los resultados obtenidos fueron interpretados con el programa STRUCTURE HARVESTER Web v0.6.9., mediante el método de Evanno et al. (2005), que determina el valor Delta K que mejor represente las agrupaciones contenidas en la muestra poblacional estudiada.

6. RESULTADOS

Los resultados analizados en el presente estudio se presentan entendiendo a Colombia como una unidad, por divisiones políticas (22 departamentos), y regiones (Andina, Caribe, Pacífica, Amazonia y Orinoquia).

En cada una de las tablas se muestran parámetros estadísticos poblacionales y forenses como: el contenido de información polimórfica (PIC), el poder de discriminación (PD), el poder de exclusión (PE) el índice típico de paternidad (TPI), la frecuencia alélica mínima (MAF), la heterocigosidad observada (H_o), la heterocigosidad esperada (H_e) y el equilibrio de Hardy-Weinberg (Tabla 10 a la tabla 122)

Para la estimación de los parámetros estadísticos forenses se utilizó el programa *GDA* (*genetic data análisis*) (Lewis y Saikin 2000), exceptuando la estimación del contenido de información polimórfica (PIC), el poder de discriminación (PD), el poder de exclusión (PE) y el índice típico de paternidad (TPI), para los cuales se usó el programa *PowerStats* (Tereba 1999).

Por último, el análisis de la estructura genética de la población colombiana se realizó con el programa Structure v 2.3.4 (Pritchard et al.,2000), analizando a Colombia de manera global.

6.1 COLOMBIA

A continuación se describen las principales características de cada uno de los 23 *loci* de microsatélites analizados, se informan los alelos nuevos identificados y los parámetros estadísticos poblacionales y forenses .

6.1.1 ANALISIS POR *LOCUS*

CSF1PO

Su localización cromosómica es 5q33.3-35, en el estudio se observaron 12 alelos para este *locus*, el número de individuos genotipificados en el presente estudio fue de 6.988 y el alelo de mayor frecuencia fue el 12 con una frecuencia de 0.376216 (Tabla 10, 11 y 16).

D10S1248

Se encuentra localizado en 10q26.3, para este *locus* se observaron 10 alelos, el número de individuos genotipificados en el presente estudio fue de 2.739 y el alelo de mayor frecuencia fue el 14 con una frecuencia 0.364914 (Tabla 10, 11 y 16).

D12S391

Se encuentra localizado en 12p12.2, se observaron 22 alelos en este *locus*, el número de individuos genotipificados en el presente estudio fue de 2.739 y el alelo de mayor frecuencia fue el 18 con una frecuencia de 0.222344 (Tabla 10, 11 y 16).

D13S317

Se encuentra localizado en 13q22-q31 y se observaron 11 alelos en este *locus*, el número de individuos genotipificados en el presente estudio fue de 6.988 y el alelo de mayor frecuencia fue el 12 con una frecuencia de 0.281053 (Tabla 10, 11 y 16).

D16S539

Se encuentra localizado en 16q22-24, se observaron 16 alelos en este *locus*, el número de individuos genotipificados en el presente estudio fue de 9.609 y el alelo de mayor frecuencia fue el 11 con una frecuencia de 0.265168 (Tabla 10, 11 y 16).

D18S51

Se encuentra localizado en 18q21.3, se observaron 32 alelos en este *locus*, el número de individuos genotipificados en el presente estudio fue de 9609, el alelo de mayor frecuencia fue el 14 con una frecuencia de 0.172963 (Tabla 10, 11 y 16)

D19S433

Se encuentra localizado en 19q12, se observaron 22 alelos en este *locus*, el número de individuos genotipificados en el presente estudio fue de 8.917 y el alelo de mayor frecuencia fue el 14 con una frecuencia de 0.269429 (Tabla 10, 11 y 16).

D1S1656

Se encuentra localizado en 1q42, se observaron 21 alelos en este *locus*, el número de individuos genotipificados en el presente estudio fue de 2.738 y el alelo de mayor frecuencia fue el 15 con una frecuencia de 0.150875 (Tabla 10, 11 y 16).

D21S11

Se encuentra localizado en 21q21.1, se observaron 34 alelos en este *locus*, el número de individuos genotipificados en el presente estudio fue de 9.607 y el alelo de mayor frecuencia fue el 11 con una frecuencia de 0.274188 (Tabla 12, 13 y 16).

D22S1045

Se encuentra localizado en 22q12.3, se observaron 12 alelos, el número de individuos genotipificados en el presente estudio fue de 2.739 y el alelo de mayor frecuencia fue el 15 con una frecuencia de 0.375319 (Tabla 12, 13 y 16).

D2S1338

Se encuentra localizado en 2q35, se observaron 21 alelos, el número de individuos genotipificados en el presente estudio fue de 9.609 y el alelo de mayor frecuencia fue el 17 con una frecuencia de 0.192161 (Tabla 12,13 y 17).

D2S441

Se encuentra localizado en 2p14, se observaron 14 alelos, el número de individuos genotipificados en el presente estudio fue de 2.739 y el alelo de mayor frecuencia fue el 11 con una frecuencia de 0.274188 (Tabla 12, 13 y 17).

D3S1358

Se encuentra localizado en 3p21.31, se observaron 15 alelos, el número de individuos genotipificados en el presente estudio fue de 9.609 y el alelo de mayor frecuencia fue el 15 con una frecuencia de 0.389114 (Tabla 12, 13 y 17).

D5S818

Se encuentra localizado en 5q23.23, se observaron 11 alelos, el número de individuos genotipificados en el presente estudio fue de 6.988 y el alelo de mayor frecuencia fue el 11 con una frecuencia de 0.406912 (Tabla 12, 13 y 17).

D7S820

Se encuentra localizado en 7q21.11, se observaron 14 alelos, el número de individuos genotipificados en el presente estudio fue de 6.986 y el alelo de mayor frecuencia fue el 11 con una frecuencia de 0.297023 (Tabla 12, 13 y 17).

D8S1179

Se encuentra localizado en 8q24.13, se observaron 14 alelos, el número de individuos genotipificados en el presente estudio fue de 9.609 y el alelo de mayor frecuencia fue el alelo 13 con una frecuencia 0.317827 (Tabla 14, 15 y 17).

FGA

Se encuentra localizado en 4q28, se observaron 40 alelos, el número de individuos genotipificados en el presente estudio fue de 2.739 y el alelo de mayor frecuencia fue el 24 con una frecuencia de 0.164759 (Tabla 14, 15 y 17).

Penta D

Se encuentra localizado en 21q22.3, se observaron 15 alelos, el número de individuos genotipificados en el presente estudio fue de 752 y el alelo de mayor frecuencia fue el alelo 10 con una frecuencia de 0.209441 (Tabla 14, 15 y 17).

Penta E

Se encuentra localizado en 15q26.2, se observaron 23 alelos, el número de individuos genotipificados en el presente estudio fue de 752 y el alelo de mayor frecuencia fue el alelo 12 con una frecuencia de 0.167553 (Tabla 14, 15 y 17).

SE33

Se encuentra localizado en 6q14, se observaron 60 alelos, el número de individuos genotipificados en el presente estudio fue de 2.736 y el alelo de mayor frecuencia fue el alelo 19 con una frecuencia de 0.095395 (Tabla 14, 15 y 17).

TH01

Se encuentra localizado en 11p15.5, se observaron 15 alelos, el número de individuos genotipificados en el presente estudio fue de 9.607 y el alelo de mayor frecuencia fue el alelo 6 con una frecuencia de 0.363745 (Tabla 14, 15 y 17).

vWA

Se encuentra localizado en 12p13.31 se observaron 12 alelos, el número de individuos genotipificados en el presente estudio fue de 9.609 y el alelo de mayor frecuencia fue el alelo 16 con una frecuencia de 0.346498 (Tabla 14, 15 y 17).

6.1.2 Parámetros Estadísticos Poblacionales: Frecuencias Alélicas, Heterocigosidad Observada (H_o), Heterocigosidad Esperada (H_e) y Equilibrio de Hardy Weinberg

Al analizar a la población de Colombia como unidad con un $n=9.610$ personas, el alelo de mayor frecuencia fue el alelo 8 en TPOX con una frecuencia de 0.469510, el *locus* más polimórfico y con mayor heterocigosidad fue SE33, con 60 alelos observados (Tabla 13, 14). De la misma manera, en Colombia todos los loci presentaron desequilibrio de Hardy-Weinberg, dado por un valor de $p < 0.05$ (P exact test) excepto D12S391 Y D22S1045 (Tabla 16, 17).

6.1.3 Parámetros Estadísticos Forenses: Contenido de Información Polimórfica (PIC), Poder de Discriminación (PD), Poder de Exclusión (PE) Índice Típico de Paternidad (TPI)

Finalmente, al analizar a Colombia como una unidad, todos los *loci* analizados tienen un poder de discriminación superior a 0.8000, el locus Penta E presento el mayor poder de discriminación (PD), de contenido de información polimórfica (PIC) y de exclusión, el locus D22S1045 presento el menor valor de poder de discriminación (PD), de contenido de información polimórfica (PIC) y menor poder de exclusión (PE) (Tabla 16, 17).

El locus Penta E presento el mayor índice típico de paternidad (TPI) (Tabla 16, 17).

ALELO	CSF1PO	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656
2.2								
3.2								
4								
5					0.000260			
5.3								
6								
6.1								
6.3								
7	0.007441			0.000215	0.000052		0.000056	
7.1				0.000072				
7.3	0.000072							
8	0.008658			0.089654	0.010563			
8.2							0.000112	
8.3								
9	0.014954	0.000730		0.162207	0.146946	0.000572	0.000112	
9.1								
9.3					0.000052			
10	0.235761	0.000913		0.064325	0.163076	0.006608	0.001570	0.002922
10.1					0.000052			
10.2						0.000156	0.000393	
10.3	0.000215							
11	0.282914	0.005659		0.208429	0.265168	0.008950	0.010542	0.030497
11.1								
11.2						0.000052	0.008018	
11.3								
12	0.376216	0.034319		0.281053	0.263295	0.105734	0.068633	0.084916
12.1								
12.2							0.011383	
12.3							0.000056	
13	0.064539	0.265243		0.125358	0.130451	0.109429	0.227543	0.103725
13.2						0.000624		
13.3								
14	0.007656	0.364914	0.000183	0.066829	0.019097	0.172963	0.269429	0.110482
14.1	0.000072							
14.2						0.000104		0.000548
14.3								0.003470
15	0.001145	0.229646	0.023001	0.001646	0.000676	0.141170	0.161770	0.158875
15.2						0.000208	0.051475	0.001096
15.3								0.036340
16		0.078496	0.030851	0.000072		0.135082	0.015925	0.167275
16.2								0.000730
16.3								0.048758
17		0.017160	0.081234		0.000052	0.156520	0.002579	0.058985
17.1			0.000183					0.000183
17.2							0.001514	
17.3			0.016429					0.142988
18		0.002921	0.222344			0.064731		0.004565
18.1			0.000183					
18.2						0.000052		
18.3			0.013509					0.037436
19			0.215407			0.042512		0.000730
19.1			0.000183					
19.2								
19.3			0.011135					0.004383

Tabla 10. Colombia I. Frecuencias alélicas para los loci: CSF1PO, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433 y D1S1656.

ALELO	CSF1PO	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656
20			0.180905			0.030492		
20.1			0.000548					
20.2						0.000052		
20.3			0.000730					0.001096
21			0.068091			0.011083		
21.1								
21.2						0.000052		
22			0.052939			0.007649		
22.1								
22.2								
22.3			0.000183					
23			0.054217		0.000052	0.002706		
23.2								
23.3								
24			0.014969			0.001561		
24.1								
24.2								
24.3								
25			0.009675			0.000312		
25.1								
25.2								
25.3								
26			0.003103			0.000104		
26.2								
27					0.000052	0.000052		
27.2								
28					0.000052			
28.2								
28.3								
29						0.000052		
29.2								
29.3								
30						0.000052		
30.1						0.000052		
30.2								
30.3								
31								
31.2								
32								
32.2								
33								
33.1						0.000052		
33.2								
34								
34.1						0.000052		
34.2								
35								
35.1								
35.2								
36								
37								
43.2								
44.2								
45.2								
46.2								
48.2								
49.2								
N=9610								

Tabla 11. Colombia II. Frecuencias alélicas para los *loci*: CSF1PO, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433 y D1S1656.

ALELO	D21S11	D22S1045	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820
2.2							
3.2							
4							
5							
5.3							
6							
6.1							0.000930
6.3							
7							
7.1			0.000056			0.034345	0.012954
7.3							
8							
8.2		0.000365				0.008944	0.109433
8.3							
9					0.000052		
9.1				0.002191	0.000104	0.076202	0.081162
9.3					0.000052		0.000215
10			0.000056	0.000365			
10.1		0.004199		0.377693		0.057313	0.272903
10.2				0.000183			0.000143
10.3							
11							0.000072
11.1	0.000052	0.056042		0.274188	0.000052	0.406912	0.297023
11.2							0.000072
11.3							
12				0.041804			
12.1		0.014421		0.037057	0.001197	0.281840	0.18644
12.2						0.000072	
12.3							
13		0.003286		0.001643			0.000072
13.2		0.003286		0.016064	0.003746	0.124284	0.032780
13.3		0.000183			0.000052		
14				0.002738			
14.1	0.000052	0.021906	0.000336	0.214494	0.091165	0.009302	0.005511
14.2				0.000183			
14.3							
15							
15.2		0.375319	0.000280	0.029938	0.389114	0.000429	0.000143
15.3							
16							
16.2		0.448156	0.032746	0.001460	0.269227	0.000072	
16.3					0.000052		
17							
17.1		0.068091	0.192161		0.142939		
17.2							
17.3							
18							
18.1		0.007850	0.055344		0.094026		
18.2							
18.3							
19							
19.1		0.000183	0.162218		0.007857		
19.2							
19.3							

Tabla 12. Colombia III. Frecuencias alélicas para los *loci*: D21S11, D22S1045, D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818 y D7S820.

ALELO	D21S11	D22S1045	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820
20			0.121453		0.000364		
20.1							
20.2							
20.3							
21			0.034597				
21.1							
21.2							
22			0.105585				
22.1							
22.2			0.000056				
22.3							
23			0.149994				
23.2	0.000052		0.000168				
23.3							
24			0.077212				
24.1							
24.2	0.000416		0.000056				
24.3	0.000208		0.000056				
25	0.000260		0.055736				
25.1							
25.2	0.000156						
25.3							
26	0.001405		0.009757				
26.2	0.000677						
27	0.018216		0.001963				
27.2	0.000052						
28	0.097741		0.000056				
28.2	0.000104						
28.3	0.000052						
29	0.207609						
29.2	0.000677						
29.3	00.000052						
30	0.295566						
30.1							
30.2	0.023316						
30.3	0.000052						
31	0.063704						
31.2	0.089154						
32	0.020246						
32.2	0.124597						
33	0.002134						
33.1	0.000156						
33.2	0.045071						
34	0.000937						
34.1							
34.2	0.003747						
35	0.002602						
35.1	0.000104						
35.2	0.000208						
36	0.000468						
37	0.000052						
43.2							
44.2							
45.2							
46.2							
48.2							
49.2							
N=9610							

Tabla 13. Colombia IV. Frecuencias alélicas para los *loci*: D21S11, D22S1045, D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818 y D7S820.

ALELO	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	Vwa
2.2		0.011303					
3.2		0.000665					
4			0.001330		0.000260		
5		0.003324	0.051862		0.000885	0.000072	
5.3					0.000052		
6			0.001330		0.363745	0.007372	
6.1					0.000416		
6.3				0.000548	0.000104		
7		0.007979	0.081117		00.244665	0.002290	
7.1							
7.3				0.000183			
8		0.024601	0.033910	0.000548	0.082492	0.469510	
8.2							
8.3				0.000548	0.000104		
9		0.172872	0.007314	0.000548	0.123972	0.071285	
9.1							
9.3					0.175237		
10		0.209441	0.061170	0.000183	0.007651	0.048311	
10.1							
10.2				0.000183			
10.3					0.000208		
11		0.193484	0.087766	0.000365		0.288792	0.000989
11.1							
11.2				0.000183			
11.3							
12		0.157580	0.167553	0.002376		00.107787	0.000364
12.1							
12.2				0.002558			
12.3							
13		0.150266	0.091755	0.008224		0.003772	0.001925
13.2				0.001462			
13.3				0.000183			
14		0.050532	0.084441	0.025768		0.000644	0.069310
14.1							
14.2				0.001462			
14.3							
15		0.011303	0.102394	0.047697		0.000215	0.092413
15.2				0.000183			
15.3				0.000365			
16	0.000052	0.004654	0.047207	0.067800			0.346498
16.2	0.000052			0.000548			
16.3				0.000183			
17	0.002654	0.001330	0.041888	0.083516	0.000104		0.271828
17.1							
17.2	0.000052			0.002010			
17.3							
18	0.008639	0.000665	0.029920	0.0108187			0.158237
18.1							
18.2	0.001197			0.000183			
18.3							
19	0.064946		0.031915	0.095395			0.049381
19.1							
19.2	0.000312			0.001096			
19.3							

Tabla 14. Colombia V. Frecuencias alélicas para los *loci*: FGA, Penta D, Penta E, SE33, TH01, TPOX y vWA.

ALELO	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	VWA
20	0.087739		0.038564	0.045322			0.007701
20.1							
20.2	0.001405			0.003107			
20.3							
21	0.119067		0.017287	0.024306			0.001145
21.1				0.000548			
21.2	0.000781			0.010965			
22	0.131245		0.010638	0.008224			0.000104
22.1				0.000183			
22.2	0.002914			0.019006			
22.3	0.001405			0.000183			
23	0.125729		0.002660	0.001645			
23.2	0.000416			0.020833			
23.3	0.000052						
24	0.164759		0.003324	0.001279			
24.1	0.000104						
24.2	0.000156			0.030519			
24.3							
25	0.160023		0.000665				
25.1			0.000665				
25.2	0.000052			0.048246			
25.3	0.000052						
26	0.094869			0.000365			
26.2	0.000052			0.058845			
27	0.024563			0.000548			
27.2				0.060855			
28	0.004944			0.000914			
28.2				0.072551			
28.3							
29	0.001509			0.000548			
29.2	0.000052			0.055556			
29.3							
30	0.000312						
30.1							
30.2	0.000208			0.042763			
30.3							
31							
31.2	0.000260			0.023209			
32				0.000365			
32.2	0.000052			0.006031			
33				0.001645			
33.1							
33.2				0.002376			
34				0.004203			
34.1							
34.2				0.000183			
35				0.001827			
35.1							
35.2							
36				0.000365			
37							
43.2	0.000156						
44.2	0.000052						
45.2	0.000104						
46.2	0.000052						
48.2	0.000052						
49.2	0.000052						
N=9610							

Tabla 15. Colombia VI. Frecuencias alélicas para los *loci*: FGA, PentaD, Penta E, SE33, TH01, TPOX y vWA.

COLOMBIA	CSF1PO	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
n	6988	2739	2739	6988	9609	9609	8917	2738	9607	2739
Ho	0.709216	0.730924	0.838992	0.811677	0.790717	0.868977	0.820904	0.877648	0.828042	0.649507
He	0.718310	0.736205	0.852229	0.818955	0.794722	0.877058	0.829651	0.886745	0.829152	0.649855
P exact test	0.000000	0.018800	0.346000	0.007600	0.002000	0.026000	0.000600	0.010000	0.012000	0.167200
PD	0.8787	0.8935	0.9537	0.9409	0.9264	0.9722	0.8879	0.9535	0.8930	0.8331
PIC	0.6797	0.7026	0.8273	0.7874	0.7638	0.8659	0.6995	0.8201	0.6973	0.6182
PE	0.4417	0.4437	0.6763	0.6018	0.5809	0.7575	0.4617	0.6407	0.4889	0.3527
MAF	0.000072	0.000730	0.000183	0.000072	0.000052	0.000052	0.000056	0.000183	0.000052	0.000183
TPI	1.72	1.72	3.14	2.52	2.38	4.21	1.79	2.81	1.91	1.42

Tabla 16. Colombia I. Indicadores poblacionales y forenses para los loci: CSF1PO, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de Exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

COLOMBIA	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	vWA
n	8917	2739	9609	6988	6986	9609	9608	752	752	2736	9607	6986	9609
Ho	0.871706	0.728368	0.725778	0.725673	0.779273	0.788740	0.874896	0.861702	0.929521	0.940789	0.745394	0.666762	0.757831
He	0.873911	0.732003	0.738485	0.729157	0.782759	0.795603	0.878442	0.83846	0.916751	0.939913	0.754926	0.667100	0.765201
P exact test	0.019200	0.001000	0.081600	0.035400	0.006400	0.040800	0.294000	0.227800	0.040800	0.380600	0.000000	0.002800	0.042000
PD	0.9719	0.8724	0.8934	0.8859	0.9239	0.9379	0.9716	0.9378	0.9759	0.9685	0.8700	0.8226	0.8900
PIC	0.8649	0.6735	0.6983	0.6885	0.7564	0.7830	0.8661	0.8187	0.9019	0.8593	0.6692	0.6520	0.7302
PE	0.7733	0.4753	0.4480	0.4864	0.5389	0.5883	0.7536	0.7196	0.9513	0.6958	0.4520	0.4301	0.5103
MAF	0.000056	0.000183	0.000052	0.000072	0.000072	0.000052	0.000052	0.000665	0.000665	0.000183	0.000052	0.000072	0.000104
TPI	4.51	1.85	1.74	1.90	2.14	2.43	4.15	3.64	20.75	3.34	1.75	1.44	2.30

Tabla 17. Colombia II. Indicadores poblacionales y forenses para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, FGA, Penta D, Penta E, SE33, TH01, TPOX y vWA. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

6.2 Alelos nuevos

En la tabla 18 se presentan los alelos nuevos identificados en el presente estudio para cada *locus*. En total se evidenciaron 20 alelos nuevos, según los datos descritos en la base de datos de microsatélites STRBase (Ruitberg, 2001), los cuales fueron confirmados en el laboratorio con el mismo u otro estuche comercial, según la disponibilidad

Locus	Alelos descritos en STRBase	Alelos observados en el presente estudio	Alelos nuevos
CSFIPO	5/6/6.3/7/7.3/8/8.3/9/9.1/9.3/10/10.1/10.2/10.3/11/	7/7.3/8/9/10/10.3/11/12/13/14/14.1/15	14.1
	11.1/11.3/12/12.1/13/14/15/16		
D12S391	15/16/17/17.3/18/18.3/19/19.3/20/21/22/23/24/25/26	15/16/17/17.1/17.3/18/18.3/19/19.1/19.3/20/20.1/20.3/21	22.3
		22/22.3/23/24/25/26	
D16S539	4/5/6/7/8/8.3/9/9.3/10/11/11.3/12/12.1/12.2/13/13.1/13.3/	5/8/9/9.3/10/10.1/11/12/13/14/15/17/23	17
	14/14.3/15/16		23
D19S433	5.2/6.2/7/8/9/10/11/11.1/12/12.1/12.2/13/13.1/13.2/13.3/14	8.2/11/11.2/12/12.2/13/13.2/14/14.2/15/15.2/16/16.2/17/17.2	8.2
	14.1/14.2/14.3/15/15.2/16/16.2/17/17.2/18/18.2/19/19.2/20	18/18.2	11.2
D21S11	12/24/24.2/24.3/25/25.1/25.2/25.3/26/26.1/26.2/27/27.1/27.2/	11/14/23.2/24.2/24.3/25/25.2/26/26.2/27/27.2/28/28.2/29/29.2/29.3/30/30.2	11
	27.3/28/28.1/28.2/28.3/29/29.1/29.2/29.3/30/30.1/30.2/30.3/	31/31.2/32/32.2/33/33.1/33.2/33.3/34/34.2/34.3	14
	31/31.1/32/32.1/32.2/32.3/33/33.1/33.2/33.3/34/34.2/34.3		
	35/35.1/35.2/35.3/36/36.1/36.2/36.3/37/37.2/38/38.2/39/39.2		
	40.2/41.2		
D2S1338	11/12/13/14/15/16/17/18/19/19.3/20/21/22/23/23.2/23.3/	9.3/13/14/15/16/17/18/19/20/21/22/23/23.2/24/24.3/25/26/27	9.3
	24/25/26/27/28		
D2S441	8/9/10/11/11.3/12/12.3/13/13.3/14/14.3/15/16/17	9/9.3/10/11/11.3/12/12.3/13/13.3/14/14.1/15/16	9.3
			14.1
D3S1358	8/8.3/9/10/11/12/13/14/14.3/15/15.1/15.2/16/16.2/17/17.1	8.3/9.1/12/13/13.2/14/15/16/16.2/17/18/19/20/	9.1
	17.2/18/18.1/18.2/18.3/19/20		
D5S818	6/7/8/9/10/10.1/11/11.1/12/12.3/13/14/15/16/17/18	7/8/9/10/11/12/12.1/13/14/15/16	12.1
PentaE	5/6/7/8/9/9.1/9.4/10/10.2/11/11.4/12/12.1/12.2/12.3/13/13.2	4/5/6/7/8/9/10/11/12/13/14/15/16/17/18/19/20/21/22/23/24/25/25.1	4
	13.4/14/14.4/15/15.2/15.4/16/16.4/17/17.4/18/18.4/19/19.4		25
	20/20.2/20.3/21/22/23/23.4/24/26		25.1
SE33	3/4.2/6.3/7/8/8.1/9/9.2/10/11/11.2/12/12.2/13/13.2/14/14.2	6.3/7.3/8/8.3/9/10.2/11/11.2/12/12.2/13/13.2/13.3/14/14.2/15/15.3/16/16.2/	8.3
	14.3/15/15.2/16/16.2/16.3/17/17.2/17.3/18/18.2/18.3/19/19.2	16.3/17/17.2/18/19/19.2/20/20.2/21/21.2/22/22.2/23/23.2/24/24.2/25.2/26	10.2
	20/20.2/20.3/21/21.1/21.2/22/22.2/23/23.2/24/24.2/25/25.2	26.2/27.2/28/28.2/29/29.2/30/30.2/31/31.2/32/32.1/	13.3
	26/26.2/27/27.2/28/28.2/29/29.2/30/30.2/31/31.2/32/32.1/	32.2/33/33.2/34/34.2/35/35.2/36/36.2/37/38/39/39.2	
TH01	3/4/5/5.3/6/6.1/6.3/7/7.1/7.3/8/8.3/9/9.1/9.3/10/10.3/11/	4/5/5.3/6/6.1/6.3/8/8.3/7/9/9.3/10/10.3/14/17	17
	12/13.3/14		

Tabla 18. Alelos nuevos en COLOMBIA en el presente estudio.

6.3 Colombia por departamentos

6.3.1 Parámetros Estadísticos Poblacionales: Frecuencias Alélicas, Heterocigosidad Observada (H_o), Heterocigosidad Esperada (H_e) y Equilibrio de Hardy Weinberg

Al analizar a Colombia por departamentos, el alelo 8 en TPOX fue el alelo que alcanzó la mayor frecuencia en todos excepto en Boyacá y Caldas en donde el alelo 20 en D3S1358 y el alelo 17 en D8S1179, respectivamente (Tabla 35 y 43) fueron los alelos de mayor frecuencia. El *locus* más polimórfico en todos los departamentos fue SE33 con un rango de alelos observados entre 15 y 36, excepto en la región Orinoquía y Amazonia, región en la cual el locus D19S433 fue el más polimórfico (Tabla 121).

El *locus* Penta E presentó la mayor heterocigosidad para todos los STRs estudiados, seguido por los *loci* SE33, Penta D y FGA (Tabla 20 a la 107).

En los departamentos de Antioquia, Atlántico, Bolívar, Casanare, Cauca, Cesar, La Guajira, Meta, Quindío, Risaralda, Santander, Sucre y Valle del Cauca, el *locus* Penta E obtuvo la mayor heterocigosidad, mientras que, en los departamentos del Quindío, Risaralda y Sucre, además de Penta E, los *loci* D1S1656 y SE33 también obtuvieron los máximos valores. Por otro lado, el *locus* S3EE predominó en Bogotá, Boyacá, Caquetá, Choco, Córdoba, Cundinamarca, Nariño y Norte de Santander. Por su parte, Penta D predominó en Choco, por último, se encuentra FGA en Caldas, Choco y Magdalena (Tabla 19). Cabe anotar que en departamentos con baja muestra poblacional tales como Choco, Quindío y Risaralda, varios *loci* como Penta E, SE33 y Penta D alcanzaron un valor máximo de heterocigosidad del 100%, esto debido al escaso número de personas estudiados y a que todos los genotipos fueron heterocigotos para esos *loci* en esas poblaciones (Tabla 55, 87 y 91).

Los siguientes *loci* presentaron desequilibrio de Hardy-Weinberg: D1S1656 en Cesar y Choco, D2S1338, FGA Y D10S1248 en Cundinamarca, D2S441 en Valle del Cauca y Magdalena; D3S1358 en Atlántico, Boyacá y La Guajira ; CSF1PO, D5S818, D2S441, TH01, D18S51, D7S820, D8S1179 en Bogotá; D10S1248 y FGA en La Guajira y Sucre, D19S433 en Bogotá, La Guajira y Nariño; D21S11 en Antioquia y Cesar; Vwa en Bolívar y Cesar; D2S441 en Bogotá, Valle del Cauca; D7S820 en Norte de Santander, D1S1656 en

Cesar y Choco, D8S1179 en Choco, La Guajira y Sucre; FGA en Cundinamarca, La Guajira y Sucre, Penta E, SE 33 y TPOX en Cundinamarca, D18S51 en Cundinamarca y D12S391 en Norte de Santander y Risaralda (Tabla 27, 38, 39, 62, 63 y 78).

6.3.2 Parámetros Estadísticos Forenses: Contenido de Información Polimórfica (PIC), Poder de Discriminación (PD), Poder de Exclusión (PE) Índice Típico de Paternidad (TPI)

Al analizar a Colombia por departamentos, el *locus* D18S51 presentó el mayor poder de discriminación (PD) para todos los STRs estudiados, seguido por el *locus* D2S1338 y FGA (Tabla 19), el *locus* con menor poder de discriminación (PD) fue D22S1045 con valores que oscilan entre 0.7362 y 0.8527 (Tabla 20 a la 107).

En los departamentos de Boyacá, Caldas, Caquetá, Casanare, Cesar, Choco, Córdoba, La Guajira, Magdalena, Meta, Norte de Santander y Quindío D18S51 predominó, a su vez D2S1338 alcanzó un máximo valor de PD en Antioquia, Cauca, Risaralda, Santander y Valle Del Cauca. En Nariño, Sucre y Tolima FGA exhibió los valores más altos (Tabla 19).

Respecto al poder de exclusión (PE), Penta E presentó los valores más altos en la mayoría de los departamentos, seguido por D1S1656, D18S51, D2S1338 y FGA. Penta E al igual exhibe los valores más altos de contenido de información polimórfica (PIC), predominando en los departamentos de Atlántico, Bogotá, Bolívar, Boyacá, Caquetá, Casanare, Cesar, Meta y Valle Del Cauca, por otro lado, en Choco, Magdalena, Norte de Santander, Quindío y Risaralda el *locus* SE 33 obtuvo el máximo poder de exclusión (PE). (Tablas 19).

El *locus* con menor poder de exclusión (PE) fue D22S1045 con valores que oscilan entre 0.1139 y 0.4165, respecto al índice típico de paternidad (PTI), el *locus* que presentó el valor mayor fue Penta E y el *locus* con un menor valor fue D22S1045 (Tabla 19 a la tabla 107).

Departamento	No de participantes	Total, de alelos observados	Locus más polimórfico	Alelo con mayor frecuencia	Mayor Ho	Mayor PD	Mayor PE	Mayor PIC
Antioquia	174	63	SE 33(22 alelos)	8 en TPOX	Penta E	D2S1338	Penta E	SE 33
Atlántico	532	79	SE 33 (34 alelos)	8 en TPOX	Penta E	D18S51	Penta E	Penta E
Bogotá	2198	80	SE 33(43 alelos)	8 en TPOX	SE 33	Penta E	Penta E	Penta E
Bolívar	159	65	SE 33 (20 alelos)	8 en TPOX	Penta E	D18S51	Penta E	Penta E
Boyacá	1436	72	SE 33 (36 alelos)	16 en D22S1045	SE 33	D18S51	Penta E	Penta E
Caldas	123	56	SE 33 (20 alelos)	11 en D5S818	FGA	D18S51	D1S1656	D18S51
Cauca	169	58	SE 33 (15 alelos)	8 en TPOX	Penta E	D2S1338	Penta E	D2S1338
Cesar	231	69	S3 33(26 alelos)	8 en TPOX	Penta E	D18S51	Penta E	Penta E
Choco	20	51	SE 33(14 alelos)	8 en TPOX, 15 en Penta E y 10 en CSF1PO	Penta D/E/FGA/SE33	D18S51	Penta D/E/FGA/SE33	D2S1338
Córdoba	64	52	SE33 (18 alelos)	15 en D3S1358	D1S1656/SE33	D18S51	D1S1656	D18S51
Cundinamarca	648	65	SE 33 (33 alelos)	8 en TPOX	SE33	D18S51	Penta D	Penta E
Huila	163	61	SE 33 (21 alelos)	8 en TPOX	Penta E	D18S51	Penta E	D18S51
La Guajira	69	56	SE 33 (17 alelos)	8 en TPOX	Penta D/Penta E	D18S51/D2S13138	Penta E	FGA
Magdalena	148	63	SE 33 (24 alelos)	8 en TPOX	FGA	D18S51	SE33	D18S51
Nariño	290	64	SE 33 (24 alelos)	8 en TPOX	SE 33	FGA	Penta D	Penta E
Norte de Santander	656	69	SE 33 (30 alelos)	8 en TPOX	SE 33	D18S51	SE33	D2S1338
Quindío	43	43	D18S51 (13 alelos)	8 en TPOX	D1S1656/Penta D/Penta E/SE33	D18S51	D1S1656/Penta D/Penta E/SE33	D2S1338
Risaralda	58	49	SE33 (15 alelos)	8 en TPOX	D1S1656/Penta D/Penta E/SE33	D2S1338	D1S1656/Penta D/Penta E/SE33	D2S1338
Santander	399	69	SE 33 (34 alelos)	8 en TPOX	Penta E	D2S1338	Penta E	Penta E
Sucre	83				D1S1656/Penta E/SE33	FGA	D1S1656/Penta E/SE33	FGA
Tolima	293	56	SE 33 (15 alelos)	8 en TPOX	SE33	FGA	D2S1338	FGA
Valle del Cauca	519	75	SE 33 (30 alelos)	8 en TPOX	Penta E	D2S1338	Penta E	Penta E

Tabla 39. Principales características acerca de los parámetros poblacionales y forenses al analizar a Colombia por departamentos. Número de participantes, total de alelos observados, locus más polimórficos, alelo con mayor frecuencia, Mayor Ho (heterocigosidad observada), Mayor PD (poder de discriminación) Mayor PE (poder de exclusión) Mayor PIC (contenido de información polimórfica).

Alelos	CSF1PO	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
2.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
4	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
5	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
6.3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
7	0.01209	-	-	-	-	-	-	-	-	-
8	0.01209	-	-	0.129032	0.014368	-	-	-	-	-
9	0.00403	-	-	0.153226	0.212644	-	-	-	-	-
9.3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
10	0.19354	-	-	0.020161	0.114943	0.008621	-	-	-	0.009091
10.2	-	-	-	-	-	0.002874	-	-	-	-
11	0.28225	0.009091	-	0.205645	0.244253	0.008621	0.00967	0.027273	-	0.027273
11.3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
12	0.42741	0.018182	-	0.290323	0.252874	0.112065	0.077415	0.100000	-	0.009091
12.2	-	-	-	-	-	-	0.00967	-	-	-
13	0.06854	0.436364	-	0.133065	0.117816	0.117816	0.27096	0.118182	-	-
13.2	-	-	-	-	-	-	0.064516	-	-	-
13.3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
14	-	0.236364	-	0.068545	0.043103	0.166667	0.29354	0.100000	-	-
14.2	-	-	-	-	-	-	0.032258	-	-	-
15	-	0.181818	-	-	-	0.155172	0.14516	0.118182	-	0.372727
15.2	-	-	-	-	-	-	0.058065	-	-	-
15.3	-	-	-	-	-	-	-	0.081818	-	-
16	-	0.081818	0.081818	-	-	0.16954	0.025806	0.109091	-	0.500000
16.2	-	-	-	-	-	-	0.012903	0.009091	-	-
16.3	-	-	-	-	-	-	-	0.036364	-	-
17	-	0.036364	0.090909	-	-	0.109195	-	0.072727	-	0.081818
17.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
17.3	-	-	0.027273	-	-	-	-	0.190909	-	-
18	-	-	0.200000	-	-	0.071835	-	-	-	-
18.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
18.3	-	-	-	-	-	-	-	0.036364	-	-
19	-	-	0.20909	-	-	0.034483	-	-	-	-
20	-	-	0.172727	-	-	0.025862	-	-	-	-
20.1	-	-	0.00909	-	-	-	-	-	-	-
21	-	-	0.063636	-	-	0.008621	-	-	-	-
21.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
22	-	-	0.081818	-	-	0.005747	-	-	-	-
22.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
23	-	-	0.045455	-	-	-	-	-	-	-
23.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
24	-	-	0.018182	-	-	0.002874	-	-	-	-
24.2	-	-	-	-	-	-	-	-	0.002874	-
25	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
25.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
26	-	-	-	-	-	-	-	-	0.002874	-
26.2	-	-	-	-	-	-	-	-	0.002874	-
27	-	-	-	-	-	-	-	-	0.020115	-
27.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
28	-	-	-	-	-	-	-	-	0.103448	-
28.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
29	-	-	-	-	-	-	-	-	0.218391	-
29.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
30	-	-	-	-	-	-	-	-	0.295977	-
30.2	-	-	-	-	-	-	-	-	0.031609	-
31	-	-	-	-	-	-	-	-	0.057471	-
31.2	-	-	-	-	-	-	-	-	0.054598	-
32	-	-	-	-	-	-	-	-	0.025862	-
32.2	-	-	-	-	-	-	-	-	0.120690	-
33.2	-	-	-	-	-	-	-	-	0.057471	-
34.2	-	-	-	-	-	-	-	-	0.002874	-
35	-	-	-	-	-	-	-	-	0.002874	-
43.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
N=174										

Tabla 20. Departamento de Antioquia I. Frecuencias alélicas para los loci: CSF1PO, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045.

Alelos	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	vWA
2.2	-	-	-	-	-	-	-	0.052632	-	-	-	-	-
4	-	-	-	-	-	-	-	-	0.026316	-	-	-	-
5	-	-	-	-	-	-	-	-	0.078947	-	0.002874	0.004032	-
6	-	-	-	-	0.004032	-	-	0.026316	-	-	0.293103	0.004032	-
6.3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.009091	0.002874	-	-
7	-	-	-	0.012097	0.012097	-	-	0.026316	0.131579	-	0.238506	0.008065	-
8	-	-	-	0.012097	0.116935	0.011494	-	-	0.078947	-	0.114943	0.508065	-
9	-	-	-	0.080645	0.112903	0.014368	-	0.157895	-	-	0.163793	0.068548	-
9.3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.183908	-	-
10	-	0.309091	-	0.060484	0.286290	0.028736	-	0.184211	0.026316	-	-	0.032258	-
10.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
11	-	0.245455	-	0.459677	0.262097	0.074713	-	0.210526	0.105263	-	-	0.270161	-
11.3	-	0.054545	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
12	-	0.109091	-	0.213710	0.169355	0.140805	-	0.184211	0.210526	-	-	0.100806	-
12.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.009091	-	-	-
13	-	0.009091	0.002874	0.145161	0.028226	0.295977	-	0.131579	0.052632	-	-	0.004032	-
13.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
13.3	-	0.009091	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
14	0.003226	0.263636	0.103448	0.012097	0.008065	0.244253	-	0.052632	0.052632	0.072727	-	-	0.068966
14.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
15	-	-	0.379310	0.004032	-	0.158046	-	-	0.078947	0.018182	-	-	0.152299
15.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
15.3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
16	0.022581	-	0.272989	-	-	0.025862	-	-	0.078947	0.100000	-	-	0.267241
16.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
16.3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
17	0.180645	-	0.166667	-	-	0.005747	0.002874	-	0.026316	0.090909	-	-	0.218391
17.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.009091	-	-	-
17.3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
18	0.054839	-	0.068966	-	-	-	0.008621	-	-	0.081818	-	-	0.215517
18.2	-	-	-	-	-	-	0.002874	-	-	-	-	-	-
18.3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
19	0.145161	-	0.005747	-	-	-	0.071839	-	0.026316	0.145455	-	-	0.068966
20	0.167742	-	-	-	-	-	0.080460	-	-	0.009091	-	-	0.008621
20.1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
21	0.041935	-	-	-	-	-	0.132184	-	-	0.027273	-	-	-
21.2	-	-	-	-	-	-	0.002874	-	-	0.018182	-	-	-
22	0.129032	-	-	-	-	-	0.114943	-	-	-	-	-	-
22.2	-	-	-	-	-	-	0.005747	-	-	0.027273	-	-	-
23	0.087097	-	-	-	-	-	0.112069	-	-	-	-	-	-
23.2	-	-	-	-	-	-	0.002874	-	-	0.036364	-	-	-
24	0.074194	-	-	-	-	-	0.212644	-	0.026316	-	-	-	-
24.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.027273	-	-	-
25	0.083871	-	-	-	-	-	0.140805	-	-	-	-	-	-
25.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.018182	-	-	-
26	0.003226	-	-	-	-	-	0.077586	-	-	-	-	-	-
26.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.036364	-	-	-
27	0.006452	-	-	-	-	-	0.011494	-	-	-	-	-	-
27.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.045455	-	-	-
28	-	-	-	-	-	-	0.005747	-	-	-	-	-	-
28.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.090909	-	-	-
29	-	-	-	-	-	-	0.008621	-	-	-	-	-	-
29.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.018182	-	-	-
30	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
30.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.081818	-	-	-
31	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
31.2	-	-	-	-	-	-	0.002874	-	-	0.027273	-	-	-
32	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
32.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
33.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
34.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
35	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
43.2	-	-	-	-	-	-	0.002874	-	-	-	-	-	-
N=174													

Tabla 21. Departamento de Antioquia II. Frecuencias alélicas para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, FGA, Penta D, Penta E, SE33, TH01, TPOX y vWA.

ANTIOQUIA	CSF1PO	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
n	124	55	55	124	174	174	155	55	174	55
Ho	0.701613	0.672727	0.890909	0.774194	0.798851	0.913793	0.812903	0.909091	0.770115	0.672727
He	0.697989	0.718766	0.865388	0.813765	0.804333	0.876263	0.806347	0.896414	0.830120	0.609008
P exact test	0.523800	0.546000	0.361000	0.539400	0.453600	0.304200	0.561600	0.649800	0.016800	0.304800
PD	0.8557	0.8694	0.9385	0.9374	0.9259	0.9644	0.8598	0.9229	0.8740	0.7362
PIC	0.6434	0.6699	0.8287	0.7846	0.7724	0.8595	0.6691	0.8262	0.6565	0.5281
PE	0.4308	0.3873	0.7595	0.5521	0.5969	0.8227	0.5058	0.7090	0.2962	0.3873
MAF	0.012097	0.009091	0.009091	0.020161	0.014368	0.002874	0.009677	0.009091	0.002874	0.009091
TPI	1.68	1.53	4.25	2.21	2.49	5.77	1.98	3.50	1.26	1.53

Tabla 22. Departamento de Antioquia I. Indicadores poblacionales y forenses para los loci: CSF1PO, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

ANTIOQUIA	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	vWA
n	155	55	174	124	124	174	174	19	19	55	174	124	174
Ho	0.877419	0.781818	0.724138	0.709677	0.822581	0.775862	0.890805	0.789474	0.947368	0.945455	0.775862	0.717742	0.793103
He	0.878881	0.766639	0.740452	0.714216	0.796428	0.802729	0.876180	0.862020	0.917496	0.932777	0.785584	0.655511	0.803968
P exact test	0.123000	0.049000	0.688600	0.683000	0.618200	0.436800	0.581000	0.364600	0.717000	0.970400	0.307800	0.407800	0.300400
PD	0.9658	0.8490	0.8905	0.8779	0.9142	0.9315	0.9640	0.9136	0.9391	0.1022	0.8729	0.8245	0.9281
PIC	0.8634	0.6759	0.6970	0.6752	0.7631	0.7730	0.8551	0.7996	0.8845	8978	0.6795	0.6045	0.7724
PE	0.7496	0.5098	0.4666	0.4434	0.6416	0.5550	0.7674	0.6623	0.8928	0.7654	0.4666	0.4562	0.5863
MAF	0.003226	0.009091	0.002874	0.004032	0.004032	0.005747	0.002874	0.026316	0.026316	0.009091	0.002874	0.004032	0.008621
TPI	4.08	2.00	1.81	1.72	2.82	2.23	4.39	3.00	9.50	2.50	1.81	1.77	2.42

Tabla 23. Departamento de Antioquia II. Indicadores poblacionales y forenses para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, FGA, Penta D, Penta E, SE33, TH01, TPOX y vWA. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

ALELO	CSF1PO	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
2.2										
5				0.000940	0.000940					
6										
7	0.013636									
7.3	0.001515									
8	0.022727			0.096970	0.013158					
8.3										
9	0.009091			0.160606	0.169173	0.000940				
9.3										
10	0.257576	0.002439		0.059091	0.130639	0.012218	0.00604	0.009756		0.007317
10.1										
10.3	0.003030									
11	0.287879	0.002439		0.200000	0.269737	0.010338	0.017137	0.048780		0.073171
11.2							0.004032			
11.3										
12	0.343939	0.031707		0.315152	0.274436	0.098684	0.089718	0.100000		0.017073
12.2							0.018145			
12.3										
13	0.051515	0.270732		0.106061	0.129699	0.093045				0.004878
13.2						0.004699	0.088710	0.085366		
13.3										
14	0.007576	0.365854		0.059091	0.011278	0.172932	0.267137	0.121951		0.026829
14.2							0.048387			
14.3								0.004878		
15	0.001515	0.219512	0.036585	0.000940	0.000940	0.148496	0.145161	0.148780		0.346341
15.2							0.049395			
15.3								0.034146		
16		0.073171				0.125940	0.021169	0.170732		0.417073
16.2							0.024194			
16.3								0.087805		
17		0.031707				0.154135	0.003024	0.365850		0.102439
17.2							0.003024			
17.3			0.007317					0.107317		
18		0.002439	0.239024			0.064850		0.002439		0.004878
18.2										
18.3			0.017073					0.029268		
19			0.185366			0.052632		0.002439		
19.1			0.002439							
19.2										
19.3			0.009756					0.009756		
20			0.168293			0.035714				
20.2										
20.3			0.002439							
21			0.051220							
21.2						0.011278				
22						0.000940				
22.2						0.001880				
22.3										
23			0.046341			0.001880				
23.2										
23.3										
24						0.007519				
24.2										
24.3									0.001883	
25			0.026829			0.01880				
25.2									0.001883	
26			0.002439						0.000942	
26.2										
27									0.036723	
27.2										
28									0.110169	
28.2									0.000942	
29									0.217514	
29.2										
30									0.263653	
30.2									0.009416	
30.3									0.000942	
31									0.075330	
31.2									0.072505	
32									0.016008	
32.2									0.134652	
33									0.004708	
33.2									0.034840	
34									0.001883	
34.2									0.008475	
35									0.006591	
36									0.000942	
43.2										
46.2										

N=532

Tabla 24. Departamento de Atlantico I. Frecuencias alélicas para los loci: CSF1PO, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045.

ALELOS	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	Vwa
2.2								0.026316					
5									0.078947		0.002820		
6					0.003030						0.302632	0.013636	
7					0.010606			0.026316	0.144737			0.259398	0.006061
7.3				0.034848						0.002439			
8				0.025758	0.134848	0.005639		0.013158	0.065789		0.122180	0.421212	
8.3			0.000940										
9				0.031818	0.087879	0.005639		0.184211		0.002439	0.153195	0.124242	
9.3											0.149436		
10		0.348780		0.065152	0.262121	0.057331		0.184211	0.078947		0.010338	0.057576	0.000940
10.1		0.002439											
10.3													
11		0.11295122		0.393939	0.295455	0.062030		0.157895	0.105263			0.269697	
11.2										0.002439			
11.3		0.041463											
12		0.058537		0.304545	0.171212	0.174812		0.157895	0.118421	0.004878		0.106061	
12.2													
12.3		0.002439											
13		0.009756	0.002820	0.128788	0.033333	0.281015		0.157895	0.118421	0.021951		0.001515	0.002820
13.2													
13.3		0.002439											
14	0.001008	0.204878	0.103383	0.015152	0.001515	0.225564		0.065789	0.078947	0.026829			0.074248
14.2													
14.3													
15		0.031707	0.389098			0.148496		0.013158	0.078947	0.053659			0.112782
15.2													
15.3													
16	0.032258	0.002439	0.268797			0.035714		0.013158	0.026316	0.073171			0.307331
16.2										0.002439			
16.3													
17	0.208669		0.145677			0.003759	0.003759		0.039474	0.097561			0.283835
17.2													
17.3													
18	0.067540		0.078947				0.009398		0.039474	0.104878			0.152256
18.2							0.004699						
18.3													
19	0.136089		0.008459				0.096805		0.013158	0.080488			0.050752
19.1													
19.2										0.002439			
19.3													
20	0.086694		0.001880				0.086466		0.013158				0.014098
20.2							0.002820			0.012195			
20.3										0.053659			
21	0.052419						0.127820			0.051220			0.000940
21.2										0.014634			
22	0.093750						0.152256			0.007317			
22.2							0.001880			0.014634			
22.3							0.000940						
23	0.177419						0.126880						
23.2										0.017073			
23.3							0.000940						
24	0.081653						0.144737			0.007317			
24.2										0.026829			
24.3													
25	0.044355						0.116541						
25.2										0.039024			
26	0.014113						0.083647						
26.2										0.065854			
27	0.004032						0.028195						
27.2										0.041463			
28							0.006579						
28.2										0.051220			
29							0.000940						
29.2							0.000940			0.039024			
30							0.001880						
30.2										0.043902			
30.3													
31													
31.2										0.014634			
32													
32.2										0.007317			
33										0.002439			
33.2										0.004878			
34										0.007317			
34.2													
35										0.002439			
36													
43.2							0.000940						
46.2							0.000940						
N=532													

Tabla 25. Departamento de Atlantico II. Frecuencias alélicas para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S179, FGA, PentaD, PentaE, SE33, TH01, TPOX y vWA.

ATLANTICO	CSF1PO	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
n	330	205	205	330	532	532	496	205	531	205
Ho	0.715152	0.712195	0.839024	0.793939	0.800752	0.879699	0.818548	0.882927	0.834275	0.639024
He	0.730082	0.739090	0.859336	0.808466	0.789859	0.882132	0.839882	0.893542	0.839706	0.690822
P exact test	0.369200	0.160000	0.156000	0.085600	0.524800	0.868600	0.162400	0.574600	0.852600	0.439200
PD	0.8761	0.8841	0.9540	0.9368	0.9222	0.9724	0.8920	0.9496	0.8991	0.8527
PIC	0.6780	0.69390	0.8270	0.7825	0.7570	0.8679	0.7022	0.8164	0.7064	0.6373
PE	0.4479	0.4474	0.6606	0.5878	0.6004	0.7514	0.4702	0.6202	0.5007	0.3403
MAF	0.001515	0.002439	0.002439	0.000940	0.000940	0.000940	0.003024	0.002439	0.000942	0.004878
TPI	1.74	1.74	2.98	2.43	2.51	4.11	1.83	2.65	1.96	1.39

Tabla 26. Departamento de Atlántico I. Indicadores poblacionales y forenses para los loci: CSF1PO, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

ATLANTICO	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	vWA
n	496	205	532	330	330	532	532	38	38	205	532	330	532
Ho	0.88911	0.73658	0.68045	0.73636	0.76969	0.79135	0.88533	0.86842	0.97368	0.95122	0.79511	0.68787	0.79699
He	0.87383	0.74482	0.73881	0.72921	0.78873	0.80981	0.88585	0.86245	0.91859	0.94461	0.78101	0.72071	0.78152
P exact test	0.53820	0.64780	0.00460	0.78300	0.12280	0.28020	0.05920	0.38380	0.79340	0.66780	0.25140	0.15560	0.26340
PD	0.9701	0.8699	0.8939	0.8865	0.9224	0.9372	0.9714	0.9306	0.9598	0.9611	0.8669	0.8803	0.9175
PIC	0.8603	0.6657	0.6974	0.6872	0.7560	0.7829	0.8703	0.8258	0.8989	0.8593	0.6754	0.6781	0.7497
PE	0.7732	0.4519	0.3978	0.4867	0.5441	0.5831	0.7588	0.7169	0.9468	0.7630	0.5175	0.4098	0.5963
MAF	0.00100	0.00243	0.00094	0.01515	0.00151	0.00375	0.00094	0.01315	0.01315	0.00243	0.00282	0.00151	0.00094
TPI	4.51	1.75	1.56	1.90	2.17	2.40	4.24	3,6	19.00	4.31	2.04	1.60	2.48

Tabla 27. Departamento de Atlántico II. Indicadores poblacionales y forenses para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, FGA, Penta D, Penta E, SE33, TH01, TPOX y vWA. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

ALELO	CSF1PO	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
5										
6										
7	0.021930									
8	0.008772			0.078947	0.012579					
9	0.026316			0.118421						
9.3					0.169811					
10	0.214912			0.074561	0.132075	0.006289	0.003356	0.010000		0.020000
11	0.315789			0.201754	0.298742	0.012579	0.040268	0.050000		0.060000
11.2							0.003356			
11.3										
12	0.337719	0.060000		0.320175	0.220126	0.072327	0.097315	0.100000		0.020000
12.2							0.016779			
13	0.070175	0.270000		0.140351	0.154088	0.132075	0.197987	0.070000		
13.2							0.090604			
13.3										
14		0.340000		0.065789	0.012579	0.147799	0.278523	0.150000		0.030000
14.2						0.003145	0.033557			
14.3								0.020000		
15	0.004386	0.170000	0.010000			0.144654	0.130872	0.210000		0.410000
15.2							0.053691			
15.3								0.030000		
16		0.130000	0.060000			0.122642	0.036913	0.120000		0.360000
16.2						0.003145	0.013423			
16.3								0.030000		
17		0.020000	0.120000			0.185535	0.003356	0.040000		0.100000
17.3			0.010000					0.130000		
18		0.010000	0.220000			0.081761				
18.2										
18.3			0.020000					0.020000		
19			0.210000			0.044025				
19.3			0.020000					0.020000		
20			0.190000			0.015723				
21			0.060000			0.018868				
22			0.050000			0.009434				
22.2										
22.3										
23			0.020000							
23.2										
24										
24.2										
25			0.010000							
25.2										
26								0.003145		
26.2										
27								0.025157		
27.2										
28								0.122642		
28.2										
29								0.232704		
29.2										
30								0.223270		
30.2								0.028302		
31								0.069182		
31.2								0.088050		
32								0.037736		
32.2								0.116352		
33.1								0.003145		
33.2								0.018868		
34								0.003145		
34.2								0.012579		
35								0.006289		
35.2								0.006289		
36										
37								0.003145		
45.2										
N=159										

Tabla 28. Departamento de Bolívar I. Frecuencias alélicas para los *loci*: CSF1PO, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045.

ALELOS	D2S1338	D2S441	3S1358---	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	Vwa
5								0.033333	0.066667				
6											0.279874	0.017544	
7				0.017544	0.004386				0.066667		0.305031	0.004386	
8				0.057018	0.114035	0.003145		0.066667	0.100000		0.122642	0.416667	
9		0.010000		0.043860	0.087719	0.003145		0.133333			0.119497	0.087719	
9.3											0.166667		
10		0.290000		0.035088	0.241228	0.053459		0.166667	0.066667		0.006289	0.052632	
11		0.280000		0.368421	0.298246	0.122642		0.333333	0.166667			0.342105	
11.2													
11.3		0.050000											
12		0.070000		0.342105	0.206140	0.144654		0.066667	0.133333			0.078947	0.003145
12.2										0.020408			
13		0.010000	0.006289	0.127193	0.048246	0.242138		0.100000	0.033333	0.010204			0.003145
13.2													
13.3		0.010000											
14		0.260000	0.084906	0.008772		0.245283		0.033333	0.066667	0.030612			0.075472
14.2													
14.3													
15		0.020000	0.355346					0.066667	0.133333	0.051020			0.135220
15.2													
15.3						0.138365							
16	0.023490		0.279874			0.040881			0.033333	0.102041			0.342767
16.2													
16.3													
17	0.191275		0.169811			0.006289	0.003145		0.033333	0.071429			0.251572
17.3													
18	0.046980		0.094340				0.006289		0.033333	0.102041			0.147799
18.2							0.009434						
18.3													
19	0.134228		0.006289				0.078616		0.033333	0.112245			0.037736
19.3													
20	0.097315		0.003145				0.094340		0.033333	0.122450			0.003145
21	0.033557						0.113208			0.020408			
22	0.104027						0.157233						
22.2							0.006289						
22.3							0.003145						
23	0.171141						0.138365						
23.2										0.030612			
24	0.104027						0.169811						
24.2							0.003145			0.020408			
25	0.073826						0.125786						
25.2										0.020408			
26	0.013423						0.062893						
26.2										0.051020			
27	0.006711						0.018868						
27.2										0.051020			
28							0.006289						
28.2										0.061224			
29													
29.2										0.51020			
30													
30.2										0.051020			
31													
31.2										0.020408			
32													
32.2													
33.1													
33.2										0.010204			
34													
34.2													
35													
35.2													
36													
37													
45.2							0.003145						
N=159													

Tabla 29. Departamento de Bolívar II. Frecuencias alélicas para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S179, FGA, Penta D, Penta E, SE33, TH01, TPOX y vWA.

BOLIVAR	CSF1PO	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
n	114	50	50	114	159	159	149	50	159	50
Ho	0.763158	0.760000	0.820000	0.833333	0.761006	0.880503	0.805369	0.900000	0.874214	0.720000
He	0.737074	0.769293	0.854343	0.810495	0.794457	0.878321	0.843762	0.888889	0.854076	0.693939
P exact test	0.470000	0.980800	0.160600	0.465000	0.996200	0.706200	0.129200	0.419200	0.268200	0.075400
PD	0.8730	0.9056	0.9284	0.9323	0.9266	0.9662	0.8965	0.9191	0.8991	0.8040
PIC	0.6881	0.7246	0.8038	0.7825	0.7607	0.8607	0.7343	0.8145	0.7357	0.6342
PE	0.5325	0.5270	0.5990	0.6623	0.5288	0.7527	0.4384	0.6985	0.5728	0.4599
MAF	0.004386	0.010000	0.010000	0.065789	0.012579	0.003145	0.003356	0.010000	0.003145	0.020000
TPI	2.11	2.08	2.50	3.0	2.09	4.13	1.70	3.38	2.33	1.79

Tabla 30. Departamento de Bolívar I. Indicadores Poblacionales y Forenses para los loci: CSF1PO, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

BOLIVAR	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	vWA
n	149	50	159	114	114	159	159	15	15	49	159	114	159
Ho	0.885906	0.780000	0.792453	0.789474	0.754386	0.842767	0.886792	0.800000	1000000	0.938776	0.729560	0.701754	0.735849
He	0.878381	0.769495	0.752733	0.727452	0.790788	0.824098	0.881793	0.845977	0.933333	0.937513	0.773922	0.695378	0.774379
P exact test	0.363400	0.741600	0.370800	0.130800	0.936400	0.288800	0.233000	0.468400	0.254600	0.616600	0.803000	0.212400	0.018400
PD	0.9657	0.8667	0.8913	0.8593	0.9249	0.9399	0.9624	0.9067	0.9067	0.9197	0.8712	0.8532	0.9110
PIC	0.8628	0.6905	0.7111	0.6806	0.7554	0.7977	0.8586	0.7982	0.8943	0.8284	0.6631	0.6416	0.7429
PE	0.7667	0.5098	0.5851	0.5797	0.5173	0.6807	0.7564	0.5990	10000	0.6794	0.3558	0.4310	0.4739
MAF	0.006711	0.010000	0.003145	0.008772	0.004386	0.003145	0.003145	0.003145	0.033333	0.010204	0.006289	0.004386	0.003145
TPI	4.38	2.00	2.41	2.38	2.22	3.18	4.19	2.50	-	3.17	1.46	1.68	1.84

Tabla 31. Departamento de Bolívar II. Indicadores Poblacionales y Forenses para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, FGA, Penta D, Penta E, SE33, TH01, TPOX y vWA. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

ALELO	CSF1PO	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
5										
6										
6.3										
7	0.003311			0.000473						
8	0.001892			0.081362	0.008008					
8.3										
9	0.015610			0.177862	0.136838	0.001393	0.000379			
9.1										
9.3					0.000348					
10	0.229896	0.001269		0.065279	0.177228	0.006267	0.000379			
10.1										
10.2							0.000379			0.001269
10.3										
11	0.287606	0.003807		0.201041	0.268802	0.007312	0.004921	0.015228		0.052030
11.2							0.009841			
11.3										
12	0.373699	0.026650		0.283349	0.270195	0.105153	0.054126	0.074873		0.011421
12.2							0.010977			
13	0.078997	0.252538		0.113529	0.124304	0.110376	0.211204	0.110406		0.003807
13.2							0.108630			0.001269
13.3										
14	0.008515	0.409898		0.076159	0.013928	0.180362	0.278198	0.125635		0.012690
14.2							0.038607			
14.3								0.002538		
15	0.000473	0.211929	0.013959	0.000946	0.000348	0.150418	0.183195	0.151015		0.365482
15.2							0.042771			
15.3								0.017766		
16		0.078680	0.019036			0.132660	0.039364	0.199239		0.477157
16.2							0.013248			
16.3								0.039340		
17		0.015228	0.062183			0.159471	0.001136	0.067259		0.069797
17.2							0.001136			
17.3			0.008883					0.156091		
18			0.242386			0.057451	0.000379	0.006345		0.005076
18.2							0.001136			
18.3			0.015228					0.027919		
19			0.233503			0.041435				
19.3			0.017766					0.002538		
20			0.195431			0.029944				
20.2										
20.3								0.003807		
21			0.064721			0.005223				
21.2										
22			0.041878			0.005571				
22.2										
23			0.052030			0.003830				
23.2										
24			0.024112			0.002786				
24.2								0.000348		
25			0.006345							
25.2										
26			0.002538			0.000348		0.002437		
26.2								0.000696		
27								0.013928		
27.2										
28								0.094359		
28.2										
29								0.204039		
29.2								0.001045		
30								0.299791		
30.2								0.027507		
31								0.061281		
31.2								0.100279		
32								0.019499		
32.2								0.127786		
33								0.00289		
33.2								0.041086		
34								0.000348		
34.2								0.002437		
35								0.000696		
35.2								0.000348		
45.2										
N=1436										

Tabla 32. Departamento de Boyaca I. Frecuencias alélicas para los loci: CSF1PO, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045.

ALELOS	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	Vwa
5									0.040650		0.000696		
6									0.004065		0.401811	0.003311	
6.3										0.001269			
7				0.038789	0.017502	0.000348			0.060976		0.233635	0.000473	
8				0.004257	0.093188	0.007312		0.024390	0.032520		0.067201	0.450331	0.450331
8.3										0.002538			
9		0.001269		0.093661	0.073794	0.011838		0.134146			0.119429	0.057237	
9.1					0.000946								
9.3											0.169916		
10		0.403553		0.056291	0.265847	0.065111		0.170732	0.044715		0.006964	0.048723	
10.1					0.000473								
10.2													
10.3											0.000348		
11		0.270305		0.412961	0.315989	0.088788		0.239837	0.077236	0.001269		0.305582	0.001045
11.2													
11.3		0.044416											
12		0.027919	0.000696	0.276254	0.192526	0.134749		0.199187	0.186992			0.128193	
12.2										0.003807			
13		0.011421	0.003482	0.112583	0.034532	0.338788		0.150407	0.089431	0.008883		0.006149	0.001045
13.2													
13.3		0.002538								0.001269			
14	0.000379	0.210660	0.088092	0.005203	0.005203	0.219359		0.060976	0.113821	0.024112			0.058844
14.2													
14.3													
15	0.000757	0.027919	0.386838			0.107939		0.008130	0.105691	0.058376			0.072772
15.2										0.001269			
15.3										0.001269			
16	0.032930		0.290042					0.012195	0.040650	0.072335			0.375348
16.2						0.023329							
16.3													
17	0.171840		0.129526			0.000696	0.002786		0.048780	0.073604			0.265669
17.2										0.001269			
17.3													
18	0.046177		0.091226			0.001393	0.005571		0.024390	0.106599			0.178969
18.2													
18.3													
19	0.182438		0.009749			0.000348	0.057103		0.040650	0.102792			0.040390
19.3													
20	0.116578		0.000348				0.096448		0.040650	0.038071			0.005571
20.2							0.001393			0.002538			
20.3													
21	0.030280						0.103760		0.020325	0.027919			
21.2							0.001045			0.016497			
22	0.113550						0.128830		0.016260	0.008883			0.000348
22.2	0.000379						0.002437			0.013959			
23	0.162377						0.107939		0.004065	0.001269			
23.2							0.000348			0.022843			
24	0.077971						0.163649		0.008130				
24.2										0.024112			
25	0.054126						0.189067						
25.2										0.046954			
26	0.008327						0.108287						
26.2										0.050761			
27	0.001893						0.024373						
27.2										0.077411			
28							0.005571						
28.2										0.071066			
29							0.000696						
29.2										0.062183			
30													
30.2							0.000348			0.034264			
31													
31.2										0.019036			
32													
32.2										0.008883			
33										0.001269			
33.2										0.002538			
34										0.006345			
34.2													
35										0.002538			
35.2													
45.2							0.000348						
N=1436													

Tabla 33. Departamento de Boyaca II. Frecuencias alélicas para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S179, FGA, PentaD, PentaE, SE33, TH01, TPOX y vWA

BOYACA	CSF1PO	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
n	1057	394	394	1057	1436	1436	1321	394	1436	394
Ho	0.713340	0.708122	0.804569	0.818354	0.781337	0.869777	0.835731	0.865482	0.817549	0.664975
He	0.718548	0.718548	0.835264	0.818477	0.789170	0.872788	0.824730	0.873196	0.826700	0.631631
P exact test	0.196600	0.896800	0.495200	0.483400	0.183400	0.095000	0.798800	0.016800	0.060000	0.696400
PD	0.8227	0.8923	0.9350	0.9421	0.9259	0.9707	0.8927	0.9390	0.8573	0.7899
PIC	0.6833	0.6972	0.7825	0.7947	0.7615	0.8629	0.7017	0.7970	0.6551	0.5736
PE	0.4764	0.4861	0.5210	0.6569	0.5492	0.7573	0.5111	0.5647	0.4999	0.3980
MAF	0.000473	0.001269	0.002538	0.000473	0.000348	0.000348	0.000379	0.002538	0.000348	0.001269
TPI	1.85	1.89	2.05	2.95	2.20	4.21	2.01	2.29	1.95	1.56

Tabla 34. Departamento de Boyacá I. Indicadores poblacionales y forenses para los loci: CSF1PO, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

BOYACA	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	vWA
n	1321	394	1436	1057	1057	1436	1436	123	123	394	1436	1057	1436
Ho	0.869796	0.703046	0.712396	0.716178	0.786187	0.782730	0.883705	0.878049	0.926829	0.936548	0.708217	0.684011	0.757660
He	0.871451	0.716942	0.733520	0.727325	0.777121	0.794709	0.873800	0.831890	0.913522	0.939267	0.736519	0.682012	0.746341
P exact test	0.447600	0.605000	0.029400	0.828400	0.577200	0.723400	0.442400	0.676800	0.841000	0.428400	0.007600	0.498000	0.726800
PD	0.9671	0.8499	0.8837	0.8911	0.9207	0.9340	0.9674	0.9379	0.9660	0.9224	0.8327	0.8470	0.8906
PIC	0.8525	0.6314	0.6941	0.6920	0.7487	0.7713	0.8570	0.8032	0.8924	0.8366	0.6050	0.6252	0.7002
PE	0.7580	0.4001	0.4858	0.4903	0.5407	0.5403	0.7781	0.6873	0.8824	0.7315	0.2799	0.3826	0.5152
MAF	0.000379	0.001269	0.000348	0.004257	0.000473	0.000348	0.000348	0.008130	0.004065	0.001269	0.000348	0.000473	0.000348
TPI	4.22	1.57	1.89	1.91	2.15	2.15	4.61	3.70	8.67	3.80	1.22	1.51	2.03

Tabla 35. Departamento de Boyacá II. Indicadores Poblacionales y Forenses para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, FGA, Penta D, Penta E, SE33, TH01, TPOX y vWA. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

ALELOS	CSF1P0	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
2.2										
3										
4										
5										
6										
6.1										
6.3										
7	0.003591				0.000228					
8	0.005984			0.099042	0.008648					
8.3										
9	0.016158			0.159785	0.132226	0.000683				
9.3										
10	0.218731			0.067923	0.169549	0.004779		0.002674		
10.1										
10.2							0.000247			
10.3	0.000299									
11	0.300120	0.002674		0.203770	0.256714	0.008421	0.004701	0.032977		0.047237
11.1										
11.2						0.000228	0.010886			
11.3										
12	0.376721	0.027629		0.284560	0.272417	0.119481	0.067046	0.084670		0.008913
12.2							0.011875			
12.3										
13	0.066128	0.286096		0.116697	0.139964	0.116978	0.228847	0.095365		0.000891
13.2							0.092776			
13.3										
14	0.008977	0.352050	0.000891	0.066727	0.018889	0.169777	0.267689	0.106952		0.023173
14.2						0.000228	0.037853			
14.3								0.001783		
15	0.001795	0.232620	0.016043	0.000898	0.000910	0.128357	0.171945	0.168449		0.375223
15.2							0.050965	0.002674		
15.3								0.035651		
16		0.086453	0.030303			0.155867	0.066368	0.173797		0.465241
16.2							0.012865			
16.3								0.039216		
17		0.009804	0.086453			0.156350	0.002721	0.063280		0.070410
17.2							0.001732			
17.3			0.022282					0.147950		
18		0.002674	0.219251			0.060765	0.000247	0.001783		0.008913
18.2							0.000742			
18.3			0.011586					0.037433		
19			0.221925			0.041875				
19.2										
19.3			0.006239					0.004456		
20			0.175579			0.031179				
20.1			0.000891							
20.2										
20.3			0.000891					0.000891		
21			0.066845			0.009558				
21.2										
22			0.056150			0.010469				
22.2										
22.3			0.000891							
23			0.055258			0.002959				
23.2									0.000228	
24			0.012478			0.001138				
24.2										
25			0.013369						0.000683	
25.1										
25.2										
26			0.002674						0.001594	
26.2									0.000911	
27									0.016849	
27.2										
28									0.088115	
28.2									0.000228	
29									0.198998	
29.2									0.001138	
29.3									0.000228	
30									0.318761	
30.2									0.020264	
31									0.061703	
31.2									0.089936	
32									0.020947	
32.2									0.124772	
33									0.002049	
33.2									0.045537	
34									0.000683	
34.2									0.004554	
35									0.001366	
36										
N=2198										

Tabla 36. Bogota I. Frecuencias alélicas para los loci: CSF1P0, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045.

ALELOS	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	Vwa
2.2								0.010256					
3													
4											0.000683		
5									0.046154		0.001138		
6					0.001197						0.365726	0.004488	
6.1						0.064178					0.000228		
6.3										0.000893			
7				0.032017	0.013465			0.002564	0.089744		0.244197	0.000598	
8				0.004788	0.108618	0.007283		0.023077	0.03077	0.000893	0.071006	0.474267	
8.3									0.023077		0.000228		
9		0.002674		0.078995	0.080491	0.009331		0.210256	0.012821		0.124943	0.066427	
9.3											0.182977		
10		0.403743		0.057750	0.270497	0.064178		0.215385	0.058974		0.007510	0.048175	
10.1					0.000299								
10.2													
10.3					0.000299						0.000455		
11		0.255793		0.413824	0.285458	0.073737		0.187179	0.092308	0.000893		0.292340	0.001138
11.1					0.000299								
11.2													
11.3		0.047237											
12		0.024955	0.001138	0.283363	0.197187	0.131771		0.128205	0.141026	0.001786		0.108318	0.000683
12.2										0.001786			
12.3		0.001783			0.000299								
13		0.018717	0.003186	0.116098	0.034411	0.320892		0.166667	0.082051	0.005357		0.004189	0.000683
13.2										0.001786			
13.3		0.001783											
14		0.209447	0.086254	0.011670	0.006284	0.248976		0.041026	0.079487	0.026786		0.000598	0.073054
14.2										0.000893			
14.3													
15		0.032086	0.385981	0.000299	0.000598	0.116978		0.010256	0.117949	0.052679		0.000598	0.096040
15.2													
15.3													
16	0.034142	0.001783	0.269458			0.024579		0.002564	0.046154	0.069643			0.329995
16.2										0.001786			
16.3													
17	0.198169		0.139281			0.001365	0.001821	0.002564	0.046154	0.085714	0.000455		0.275148
17.2										0.002679			
17.3													
18	0.055418		0.105599				0.008193		0.028205	0.111607			0.164998
18.2							0.000228						
18.3													
19	0.164770		0.008648			0.000455	0.060537		0.046154	0.089286			0.048020
19.2										0.001786			
19.3													
20	0.121722		0.000455				0.088075		0.030769	0.046429			0.007965
20.1													
20.2							0.002048			0.004464			
20.3													
21	0.030678						0.122212		0.020513	0.016071			0.001821
21.2							0.000910			0.007143			
22	0.101188						0.128129		0.015385	0.008036			
22.2							0.003869			0.022321			
22.3													
23	0.155369						0.121985			0.002679			
23.2							0.000683			0.016964			
24	0.074963						0.177970		0.002564	0.002679			
24.2										0.028571			
25	0.052202						0.169549		0.002564				
25.1									0.002564				
25.2										0.059821			
26	0.009896						0.087392			0.000893			
26.2										0.053571			
27	0.000990						0.020938						
27.2										0.069643			
28							0.003414			0.001786			
28.2										0.066071			
29							0.001138						
29.2										0.055357			
29.3													
30													
30.2										0.050893			
31													
31.2							0.000228			0.015179			
32													
32.2										0.004464			
33										0.002679			
33.2										0.002679			
34										0.002679			
34.2										0.000893			
35										0.000893			
36										0.000893			

N=2198

Tabla 37. Bogota II. Frecuencias alélicas para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S179, FGA, PentaD, PentaE, SE33, TH01, TPOX y vWA.

BOGOTA	CSF1PO	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
n	1671	561	561	1671	2197	2197	2021	561	2196	561
Ho	0.700778	0.745098	0.859180	0.824656	0.794265	0.875284	0.803068	0.880570	0.814663	0.631016
He	0.715612	0.732402	0.852271	0.819723	0.793815	0.877311	0.827697	0.883272	0.820510	0.635440
P exact test	0.000800	0.278400	0.314600	0.102600	0.206600	0.010800	0.018200	0.315200	0.090800	0.830000
PD	0.8744	0.8667	0.9376	0.9450	0.9244	0.9730	0.8985	0.9235	0.8505	0.7424
PIC	0.6680	0.6678	0.8440	0.8006	0.7620	0.8666	0.7066	0.7668	0.6378	0.5238
PE	0.3937	0.4310	0.6367	0.6231	0.5972	0.7333	0.4055	0.5728	0.4499	0.3081
MAF	0.000299	0.002674	0.000891	0.000898	0.000228	0.000228	0.000247	0.000891	0.000990	0.000891
TPI	1.55	1.68	2.78	2.67	2.4	3.83	1.59	2.33	1.75	1.30

Tabla 38. Bogotá I. Indicadores poblacionales y forenses para los loci: CSF1PO, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

BOGOTA	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	vWA
n	2021	561	2197	1671	1671	2197	2197	195	195	560	2197	1671	2197
Ho	0.862444	0.734403	0.727355	0.789946	0.774238	0.862995	0.841026	0.841026	0.907692	0.941071	0.748748	0.656493	0.760127
He	0.870979	0.724088	0.725913	0.787014	0.793870	0.873943	0.873943	0.829833	0.923591	0.938903	0.752592	0.671304	0.771412
P exact test	0.103400	0.019600	0.977000	0.001200	0.017800	0.040600	0.256600	0.442000	0.090600	0.888800	0.000400	0.225400	0.382800
PD	0.9664	0.8527	0.8978	0.8718	0.9201	0.9254	0.9696	0.9408	0.9741	0.8402	0.8321	0.8371	0.9156
PIC	0.8512	0.6368	0.7064	0.6694	0.7553	0.7592	0.8588	0.8145	0.9112	0.7823	0.6129	0.6053	0.7422
PE	0.7196	0.4073	0.4603	0.4826	0.6398	0.5448	0.7344	0.7090	0.8725	0.5432	0.4085	0.3025	0.5429
MAF	0.000990	0.001783	0.000455	0.000299	0.000299	0.000455	0.000228	0.002564	0.002564	0.000893	0.000228	0.000598	0.000683
TPI	3.64	1.59	1.79	1.88	2.80	2.18	3.84	3.50	8.00	2.17	1.60	1.28	2.16

Tabla 39. Bogotá II. Indicadores poblacionales y forenses para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, FGA, Penta D, Penta E, SE33, TH01, TPOX y vWA. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

ALELO	CSF1P0	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
6										
6.1										
6.3										
7	0.005618									
8	0.011236			0.078652	0.012195					
9	0.022472			0.078652	0.211382					
9.3										
10	0.207865			0.073034	0.105691					
11	0.258427			0.230337	0.264228			0.029412		0.044118
11.3										
12	0.421348	0.029412		0.303371	0.268293	0.130081	0.081897	0.073529		0.058824
12.2							0.004310			
13	0.073034	0.279412		0.146067	0.109756	0.117886	0.310345	0.102941		
13.2							0.073276			
14		0.294118		0.084270	0.028455	0.170732	0.271552	0.117647		0.029412
14.2							0.034483			
15		0.250000	0.014706	0.005618		0.174797	0.112069	0.132353		0.397059
15.2							0.056034			
15.3								0.044118		
16		0.102941	0.029412			0.121951	0.051724	0.176471		0.426471
16.2							0.004310			
16.3								0.073529		
17		0.029412	0.073529			0.097561		0.058824		0.044118
17.3			0.029412					0.102941		
18		0.014706	0.220588			0.069106		0.014706		
18.3			0.014706					0.073529		
19			0.235294			0.069106				
20			0.102941			0.016260				
20.2										
21			0.102941			0.020325				
22			0.044118			0.008130				
22.2										
23			0.117647							
23.2										
24			0.014706			0.004065				
24.2										
25										
25.2										
26										
26.2									0.004065	
27									0.024390	
27.2										
28									0.101626	
28.2										
29									0.191057	
29.2										
30									0.280488	
30.2									0.020325	
31									0.069106	
31.2									0.060976	
32									0.032520	
32.2									0.154472	
33										
33.2									0.056911	
34										
35									0.004065	
N=132										

Tabla 40. Departamento de Caldas I. Frecuencias alélicas para los loci: CSF1P0, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045.

ALELO	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	Vwa
6											0.361789	0.005618	
6.1											0.008130		
6.3											0.004065		
7				0.033708	0.022472						0.235772	0.005618	
8					0.101124	0.020325					0.101626	0.533708	
9		0.044118		0.033708	0.123596			0.187500			0.146341	0.033708	
9.3											0.142276		
10		0.250000		0.033708	0.258427			0.250000	0.125000			0.067416	
11		0.323529		0.550562	0.303371	0.065041		0.062500	0.062500			0.258427	0.004065
11.3		0.014706											
12		0.029412		0.292135	0.157303	0.085366		0.062500	0.375000			0.095506	
12.2													
13			0.004065	0.056180	0.033708	0.337398		0.187500	0.125000				0.008130
13.2													
14		0.294118	0.117886			0.235772		0.187500		0.014706			0.069106
14.2													
15		0.044118	0.390244			0.162602		0.062500	0.062500	0.014706			0.117886
15.2													
15.3													
16	0.034483		0.268293			0.024390				0.088235			0.329268
16.2													
16.3													
17	0.176724		0.146341			0.004065	0.004065		0.125000	0.044118			0.239837
17.3													
18	0.021552		0.060976				0.020325		0.062500	0.102941			0.158537
18.3													
19	0.163793		0.012195				0.048780			0.191176			0.065041
20	0.146552						0.065041		0.062500	0.058824			0.008130
20.2										0.014706			
21	0.030172						0.130081						
22	0.103448						0.130081						
22.2							0.004065			0.029412			
23	0.120690						0.166667						
23.2										0.014706			
24	0.081897						0.178862						
24.2										0.058824			
25	0.107759						0.121951						
25.2										0.044118			
26							0.089431						
26.2							0.004065			0.014706			
27	0.012931						0.020325						
27.2										0.058824			
28							0.008130						
28.2										0.073529			
29							0.004065						
29.2										0.044118			
30													
30.2							0.004065			0.073529			
31													
31.2										0.029412			
32													
32.2										0.014706			
33													
33.2													
34										0.014706			
35													
N=132													

Tabla 41. Departamento de Caldas II. Frecuencias alélicas para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S179, FGA, PentaD, PentaE, SE33, TH01, TPOX y vWA.

CALDAS	CSF1PO	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
n	89	34	34	89	123	123	116	34	123	34
Ho	0.764045	0.823529	0.823529	0.775281	0.804878	0.869919	0.793103	0.906936	0.840219	0.588235
He	0.710468	0.771730	0.863916	0.813305	0.792567	0.878347	0.801724	1.000000	0.886179	0.661984
P exact test	0.846400	0.691000	0.202400	0.399400	0.618000	0.818000	0.673800	0.821200	0.146000	0.361200
PD	0.8565	0.8841	0.9316	0.9350	0.9218	0.9666	0.8790	0.8951	0.8827	0.8114
PIC	0.6582	0.7206	0.8146	0.7841	0.7573	0.8617	0.6746	0.8033	0.7130	0.5893
PE	0.5341	0.6434	0.6826	0.5540	0.6081	0.7345	0.4165	1.0000	0.5797	0.2770
MAF	0.005618	0.014706	0.014706	0.005618	0.028455	0.004065	0.004310	0.029941	0.004065	0.029412
TPI	2.12	2.83	3.20	2.23	2.56	3.84	1.63	-	2.38	1.21

Tabla 42. Departamento de Caldas I. Indicadores poblacionales y forenses para los loci: CSF1PO, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

CALDAS	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	VWA
n	116	34	123	89	89	123	123	8	8	34	123	89	123
Ho	0.896552	0.764706	0.699187	0.550562	0.741573	0.780488	0.910569	0.875000	0.875000	0.852941	0.804878	0.640449	0.821138
He	0.877930	0.752414	0.739539	0.608392	0.793754	0.790576	0.879509	0.875000	0.850000	0.928446	0.764559	0.637085	0.789082
P exact test	0.357800	0.866400	0.299800	0.415600	0.673000	0.780200	0.929000	0.747600	0.525200	0.532200	0.605400	0.159000	0.985200
PD	0.9631	0.8760	0.8880	0.8022	0.9239	0.9238	0.9651	0.8750	0.8438	0.8642	0.8492	0.8097	0.9233
PIC	0.8610	0.6863	0.6962	0.5481	0.7588	0.7590	0.8591	0.7957	0.7762	0.7092	0.6463	0.5849	0.7560
PE	0.7884	0.5228	0.4270	0.2357	0.4955	0.5633	0.8125	0.7447	0.7447	0.2409	0.5098	0.3423	0.6388
MAF	0.012931	0.014706	0.004065	0.033708	0.033708	0.004065	0.004065	0.062500	0.062500	0.014706	0.004065	0.005618	0.004065
TPI	4.83	2.06	1.66	1.11	1.93	2.28	5.45	4.00	4.00	1.13	2.00	1.39	2.80

Tabla 43. Departamento de Caldas II. Indicadores poblacionales y forenses para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, FGA, Penta D, Penta E, SE33, TH01, TPOX y vWA. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

ALELO	CSF1P0	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
2.2										
6										
7	0.034783									
8	0.021739			0.056522	0.011834					
9	0.017391			0.169565	0.144970					
9.3										
10	0.278261			0.047826	0.218935	0.005917	0.006289			0.018519
11	0.247826			0.226087	0.269231		0.034591	0.009259		0.064815
11.2							0.003145			
11.3										
12	0.330435	0.046296		0.295652	0.242604	0.079882	0.053459	0.046296		0.027778
12.2							0.012579			
13	0.069565	0.287037		0.121739	0.100592	0.059172	0.216981	0.222222		0.009259
13.2							0.135220			
14		0.314815		0.082609	0.011834	0.162722	0.251572	0.138889		0.046296
14.2							0.040881			
15		0.259259	0.027778			0.180473	0.150943	0.129630		0.342593
15.2							0.056604	0.009259		
15.3								0.018519		
16		0.055556	0.027778			0.150888	0.025157	0.138889		0.425926
16.2							0.006289			
16.3								0.055556		
17		0.037037	0.101852			0.165680		0.074074		0.055556
17.1			0.009259							
17.2							0.003145			
17.3			0.027778					0.111111		
18			0.166667			0.088757	0.003145	0.009259		0.009259
18.3			0.009259					0.018519		
19			0.222222			0.065089		0.009259		
19.3			0.009259					0.009259		
20			0.185185			0.029586				
21			0.092593			0.005917				
21.2										
22			0.046296			0.005917				
22.2										
23			0.074074							
24										
24.2										
25										
25.2										
26										
27									0.020710	
27.2										
28									0.094675	
29									0.201183	
30									0.304734	
30.2									0.020710	
31									0.076923	
31.2									0.085799	
32									0.017751	
32.2									0.121302	
33									0.002959	
33.2									0.041420	
34									0.002959	
35									0.005917	
36									0.002959	
43.2										
49.2										
N=169										

Tabla 44. Departamento de Cauca I. Frecuencias alélicas para los loci: CSF1P0, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045.

ALELO	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	Vwa
2.2								0.050000					
6											0.346154	0.026087	
7				0.026087	0.004348				0.100000			0.008696	
8				0.013043	0.073913	0.002959		0.100000	0.050000			0.465217	
9				0.086957	0.086957	0.005917		0.250000	0.100000			0.069565	
9.3											0.147929		
10		0.398148		0.065217	0.278261	0.056213		0.150000				0.047826	
11		0.250000		0.395652	0.321739	0.068047		0.150000	0.100000		0.313609	0.243478	0.002959
11.2											0.106509		
11.3		0.018519									0.079882		
12		0.055556		0.273913	0.160870	0.153846		0.150000			0.005917	0.134783	
12.2										0.018519			
13		0.027778	0.011834	0.126087	0.056522	0.310651		0.050000	0.200000			0.004348	
13.2													
14		0.212963	0.073964	0.008696	0.017391	0.224852		0.050000		0.018519			0.047337
14.2													
15		0.037037	0.417160	0.004348		0.139053		0.050000	0.200000	0.009259			0.124260
15.2													
15.3													
16	0.028302		0.275148			0.026627			0.050000	0.064815			0.334320
16.2													
16.3													
17	0.194969		0.162722			0.008876	0.005917		0.050000	0.074074			0.337278
17.1													
17.2													
17.3													
18	0.066038		0.056213			0.002959	0.008876			0.111111			0.094675
18.3													
19	0.198113		0.002959				0.053254		0.050000	0.111111			0.050296
19.3													
20	0.094340						0.050296		0.100000	0.064815			0.005917
21	0.069182						0.097633						0.002959
21.2										0.027778			
22	0.084906						0.174556			0.027778			
22.2							0.002959						
23	0.122642						0.159763						
24	0.084906						0.136095						
24.2										0.027778			
25	0.040881						0.144970						
25.2													
26	0.015723						0.115385						
27							0.032544						
27.2										0.101852			
28							0.011834						
29													
30													
30.2										0.037037			
31													
31.2										0.037037			
32													
32.2										0.018519			
33													
33.2													
34													
35													
36													
43.2							0.002959						
49.2							0.002959						
N=169													

Tabla 45. Departamento de Cauca II. Frecuencias alélicas para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S179, FGA, Penta D, Penta E, SE33, TH01, TPOX y vWA.

CAUCA	CSF1PO	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
n	115	54	54	115	169	169	159	54	169	54
Ho	0.643478	0.703704	0.814815	0.826087	0.775148	0.893491	0.830189	0.796296	0.810651	0.685185
He	0.748396	0.751644	0.867428	0.809113	0.791653	0.870332	0.841378	0.879197	0.829210	0.696954
P exact test	0.236400	0.890800	0.229600	0.372600	0.210800	0.302400	0.278000	0.809400	0.016800	0.222600
PD	0.8957	0.8964	0.9436	0.9266	0.9172	0.9622	0.8847	0.9297	0.8476	0.8436
PIC	0.7019	0.7006	0.8206	0.7792	0.7565	0.8534	0.7177	0.7804	0.6850	0.6414
PE	0.3463	0.4340	0.5837	0.6483	0.5538	0.7821	0.4955	0.4092	0.4557	0.4057
MAF	0.017391	0.037037	0.009259	0.047826	0.011834	0.005917	0.003145	0.009559	0.002959	0.009259
TPI	1.40	1.69	2.40	2.88	2.22	4.69	1.93	1.60	1.77	1.59

Tabla 46. Departamento de Cauca I. Indicadores poblacionales y forenses para los loci: CSF1PO, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

CAUCA	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	VWA
n	159	54	169	115	115	169	169	10	10	54	169	115	169
Ho	0.861635	0.574074	0.710059	0.713043	0.713043	0.846154	0.869822	0.900000	1000000	0.925926	0.739645	0.626087	0.727811
He	0.875265	0.734856	0.717135	0.743004	0.780027	0.803680	0.877513	0.894737	0.915789	0.933714	0.744386	0.701272	0.747458
P exact test	0.967200	0.059600	0.807200	0.212000	0.917400	0.299200	0.622200	0.553200	0.830200	0.868400	0.035400	0.066600	0.408600
PD	0.9687	0.8750	0.8758	0.8956	0.9217	0.9271	0.9672	0.8642	0.8800	0.8595	0.7991	0.8667	0.8936
PIC	0.8597	0.6734	0.6706	0.7025	0.7442	0.7747	0.8591	0.8268	0.8567	0.7702	0.6086	0.6579	0.7061
PE	0.7179	0.2432	0.4440	0.4487	0.4487	0.6873	0.7296	0.7728	10000	0.6332	0.3904	0.3234	0.4726
MAF	0.015723	0.018519	0.002959	0.004348	0.004348	0.004348	0.002959	0.050000	0.050000	0.009259	0.005917	0.004348	0.002959
TPI	3.61	1.13	1.72	1.74	1.74	3.25	3.77	4.50	-	2.75	1.54	1.34	1.84

Tabla 47. Departamento de Cauca II. Indicadores poblacionales y forenses para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, FGA, Penta D, Penta E, SE33, TH01, TPOX y vWA. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

ALELOS	CSF1P0	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
2.2										
5					0.004329					
6										
7	0.017647									
8	0.017647			0.091176	0.008658					
9	0.011765			0.117647	0.145022	0.002165				
9.3										
10	0.226471			0.050000	0.125541	0.010823	0.006849	0.007576		0.007576
10.1					0.002165					
10.2						0.002165				
11	0.261765	0.007576		0.252941	0.287879	0.012987	0.036530	0.045455		0.060606
11.2							0.002283			
11.3										
12	0.408824	0.037879		0.308824	0.266234	0.108225	0.066210	0.090909		0.030303
12.2							0.015982			
13	0.038235	0.242424		0.114706	0.134199	0.114719	0.203196	0.068182		0.007576
13.2						0.002165	0.075342			
14	0.017647	0.409091		0.061765	0.025974	0.166667	0.296804	0.098485		0.037879
14.2							0.052511			
14.3								0.015152		
15		0.219697	0.030303	0.002941		0.140693	0.134703	0.159091		0.378788
15.2							0.050228			
15.3								0.045455		
16		0.053030	0.060606			0.112554	0.036530	0.113636		0.401515
16.2							0.022831			
16.3								0.075758		
17		0.030303	0.136364			0.170996		0.075758		0.075758
17.3			0.007576					0.174242		
18			0.219697			0.064935				
18.2										
18.3			0.015152					0.030303		
19			0.189394			0.058442				
19.2										
20			0.196970			0.015152				
20.3			0.007576							
21			0.045455			0.008658				
21.1										
21.2										
22			0.053030			0.004329				
22.2										
23			0.037879			0.004329				
23.2										
24										
24.2										
24.3										
25										
25.2										
26										
26.2										
27									0.023810	
27.2										
28									0.134199	
28.2										
28.3									0.002165	
29									0.207792	
29.2									0.002165	
30									0.277056	
30.2									0.028139	
31									0.069264	
31.2									0.067100	
32									0.023810	
32.2									0.108225	
33									0.002165	
33.2									0.034632	
34									0.004329	
34.2									0.004329	
35									0.004329	
35.1									0.004329	
36									0.002165	
N=231										

Tabla 48. Departamento de Cesar I. Frecuencias alélicas para los loci: CSF1P0, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045.

ALELOS	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	Vwa
2.2								0.066667					
5								0.033333	0.066667		0.002165		
6											0.292208	0.020588	
7				0.058824	0.017647			0.033333	0.133333		0.248918		
8				0.017647	0.173529				0.066667		0.112554	0.414706	
9				0.035294	0.079412	0.004329		0.166667			0.132035	0.132353	
9.3											0.196970		
10		0.310606		0.047059	0.261765	0.049784		0.133333	0.100000		0.015152	0.038235	
10.1													
10.2													
11		0.333333		0.382353	0.238235	0.067100		0.166667	0.033333			0.317647	0.004329
11.2													
11.3		0.075758											
12		0.045455	0.002165	0.294118	0.194118	0.158009		0.266667	0.133333			0.076471	
12.2										0.007576			
13		0.015152	0.010823	0.158824	0.023529	0.324675		0.100000	0.100000	0.037879			0.002165
13.2													
14		0.189394	0.088745	0.005882	0.011765	0.255411		0.033333	0.066667	0.060606			0.071429
14.2										0.007576			
14.3													
15		0.030303	0.352814			0.112554			0.033333	0.030303			0.099567
15.2													
15.3													
16	0.029680		0.285714			0.021645				0.068182			0.337662
16.2													
16.3													
17	0.152968		0.166667			0.004329			0.033333	0.090909			0.281385
17.3													
18	0.082192		0.093074				0.012987		0.066667	0.068182			0.119048
18.2							0.002165			0.007576			
18.3													
19	0.171233						0.073593			0.090909			0.067100
19.2										0.007576			
20	0.100457						0.093074		0.133333	0.045455			0.015152
20.3													
21	0.054795						0.160173			0.007576			0.002165
21.1										0.007576			
21.2										0.037879			
22	0.086758						0.142857		0.033333				
22.2										0.030303			
23	0.157534						0.116883						
23.2							0.002165			0.015152			
24	0.100457						0.175325						
24.2										0.022727			
24.3	0.002283												
25	0.045662						0.103896						
25.2										0.045455			
26	0.015982						0.080087						
26.2										0.037879			
27							0.021645						
27.2										0.037879			
28							0.004329						
28.2										0.090909			
28.3													
29							0.008658						
29.2										0.030303			
30													
30.2							0.002165			0.053030			
31													
31.2										0.037879			
32													
32.2													
33													
33.2													
34													
34.2													
35										0.015152			
35.1													
36													
N=231													

Tabla 49. Departamento de Cesar II. Frecuencias alélicas para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S179, FGA, PentaD, PentaE, SE33, TH01, TPOX y vWA

CESAR	CSF1PO	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
n	170	66	66	170	231	231	219	66	231	66
Ho	0.770588	0.787879	0.909091	0.770588	0.748918	0.844156	0.840183	0.803030	0.822511	0.757576
He	0.712615	0.725885	0.853690	0.801371	0.792386	0.879276	0.835543	0.898797	0.839639	0.688642
P exact test	0.841200	0.120200	0.839800	0.870200	0.099600	0.198000	0.006200	0.009000	0.042400	0.287800
PD	0.8570	0.8554	0.9433	0.9336	0.9209	0.9697	0.8623	0.9235	0.8730	0.7948
PIC	0.6620	0.6760	0.8190	0.7723	0.7583	0.8637	0.6956	0.8201	0.6853	0.6298
PE	0.5456	0.5767	0.8020	0.5456	0.5061	0.6807	0.4808	0.3959	0.4683	0.5228
MAF	0.011765	0.007576	0.007576	0.002941	0.002165	0.002165	0.002283	0.007576	0.002165	0.007576
TPI	2.18	2.36	5.17	2.18	1.98	3.18	1.87	1.56	1.82	2.06

Tabla 50. Departamento de Cesar I. Indicadores poblacionales y forenses para los loci: CSF1PO, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

CESAR	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	VWA
n	219	66	231	170	170	231	231	15	15	66	231	170	231
Ho	0.894977	0.757576	0.748918	0.670588	0.805882	0.761905	0.861472	0.866667	1000000	0.954545	0.783550	0.688235	0.718615
He	0.883786	0.753296	0.751078	0.736977	0.801978	0.785926	0.879408	0.866667	0.935632	0.951191	0.785221	0.703939	0.774535
P exact test	0.546600	0.574000	0.294600	0.106400	0.570000	0.533200	0.283200	0.186800	1000000	0.377600	0.461200	0.284200	0.039200
PD	0.9703	0.8680	0.8956	0.8954	0.9267	0.9239	0.9683	0.8757	0.9333	0.9418	0.8611	0.8644	0.9179
PIC	0.8697	0.6639	0.7097	0.6940	0.7698	0.7538	0.8631	0.8092	0.8965	0.8386	0.6709	0.6531	0.7409
PE	0.7842	0.4507	0.5079	0.3842	0.6100	0.5304	0.7140	0.6873	10000	0.6794	0.5098	0.4103	0.4576
MAF	0.015982	0.030303	0.002165	0.005882	0.011765	0.004329	0.002165	0.033333	0.033333	0.007576	0.002165	0.020588	0.002165
TPI	4.74	1.75	1.99	1.52	2.58	2.10	3.56	3.25	-	3.17	2.00	1.60	1.78

Tabla 51. Departamento de Cesar II. Indicadores poblacionales y forenses para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, FGA, Penta D, Penta E, SE33, TH01, TPOX y vWA. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

ALELO	CSF1P0	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
5										
6										
7										
8	0.055556			0.055556						
9				0.055556	0.225000					
9.3										
10	0.500000			0.055556	0.100000					0.090909
11	0.111111	0.090909		0.277778	0.300000		0.083333	0.090909		0.090909
12	0.277778	0.227273		0.500000	0.175000	0.075000	0.083333			
12.2							0.027778			
12.3										
13		0.090909		0.055556	0.200000	0.025000	0.250000	0.045455		
13.2							0.055556			
14	0.055556	0.272727					0.333333	0.090909		0.045455
15		0.227273	0.136364			0.200000	0.083333	0.318182		0.227273
15.2							0.027778			
15.3								0.045455		
16		0.090909	0.090909			0.150000		0.090909		0.363636
16.2							0.027778	0.090909		
17			0.090909			0.175000	0.027778	0.09909		0.181818
17.3								0.090909		
18			0.363636			0.175000				
18.2										
18.3								0.045455		
19						0.100000				
19.3			0.045455							
20			0.181818							
21						0.075000				
21.2										
22						0.025000				
23			0.090909							
24										
25										
25.2										
26										
26.2										
27									0.025000	
27.2										
28									0.300000	
28.2										
29									0.150000	
30									0.275000	
30.2									0.025000	
31									0.050000	
31.2									0.075000	
32										
33									0.025000	
33.2									0.050000	
34										
35										
36									0.025000	
N=20										

Tabla 52. Departamento de Choco I. Frecuencias alélicas para los loci: CSF1P0, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045.

ALELOS	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	Vwa
5								0.250000					
6											0.175000	0.111111	
7											0.425000		
8				0.055556	0.055556			0.250000			0.225000	0.500000	
9					0.111111						0.100000	0.166667	
9.3											0.075000		
10		0.181818		0.111111	0.444444	0.050000							
11		0.454545		0.277778	0.277778	0.075000		0.250000				0.166667	
12		0.136364	0.002165	0.333333	0.055556	0.100000			0.250000			0.055556	
12.2													
12.3		0.045455											
13		0.045455	0.010823	0.166667	0.055556	0.225000		0.250000					
13.2													
14		0.045455	0.088745	0.055556		0.350000				0.090909			0.075000
15		0.090909	0.352814			0.125000			0.500000	0.045455			0.275000
15.2													
15.3													
16			0.285714			0.075000				0.045455			0.300000
16.2													
17	0.194444		0.166667				0.025000		0.250000	0.045455			0.200000
17.3													
18	0.083333		0.093074				0.050000			0.090909			0.100000
18.2							0.025000						
18.3													
19	0.138889						0.100000			0.136364			0.025000
19.3													
20	0.083333						0.025000			0.136364			0.025000
21	0.111111						0.075000						
21.2										0.045455			
22	0.055556						0.250000						
23	0.194444						0.225000						
24	0.083333						0.100000						
25	0.055556						0.050000						
25.2										0.045455			
26							0.050000						
26.2										0.045455			
27										0.045455			
27.2										0.045455			
28							0.025000						
28.2										0.136364			
29													
30													
30.2													
31													
31.2										0.045455			
32													
33													
33.2													
34													
35													
36													
N=20													

Tabla 53. Departamento de Choco II. Frecuencias alélicas para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, FGA, Penta D, Penta E, SE33, TH01, TPOX y vWA.

CHOCO	CSF1PO	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
n	9	11	11	9	20	20	18	11	20	11
Ho	0.888889	0.818182	0.636364	0.666667	0.750000	0.800000	0.777778	0.727273	0.800000	0.727273
He	0.692810	0.835498	0.826840	0.699346	0.798718	0.875641	0.822222	0.883117	0.819231	0.800866
P exact test	0.571400	0.615200	0.046400	0.441200	0.642400	0.077800	0.136200	0.006200	0.916200	0.318000
PD	0.7160	0.8760	0.8400	0.7901	0.8950	0.9150	0.8166	0.5600	0.8776	0.8595
PIC	0.6035	0.7676	0.7229	0.6137	0.7431	0.8365	0.6625	0.4500	0.6971	0.7304
PE	0.7728	0.6332	0.2909	0.3786	0.5098	0.5990	0.4165	0.1139	0.4507	0.4717
MAF	0.055555	0.090909	0.045455	0.055555	0.100000	0.025000	0.027778	0.045455	0.025000	0.045455
TPI	4.50	2.75	1.25	1.50	2.00	2.50	1.63	0.83	1.75	1.83

Tabla 54. Departamento de Choco I. Indicadores poblacionales y forenses para los loci: CSF1PO, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

CHOCO	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	VWA
n	18	11	20	9	9	20	20	2	2	11	20	9	20
Ho	0.888889	0.818182	0.850000	0.777778	0.666667	0.600000	1.000000	1.000000	1.000000	1.000000	0.700000	0.777778	0.800000
He	0.890476	0.761905	0.765385	0.810458	0.745098	0.807692	0.873077	1.000000	0.833333	0.952381	0.741026	0.718954	0.797436
P exact test	0.096200	0.466400	0.524200	0.239400	0.601400	0.041600	0.452000	1.000000	1.000000	0.159400	0.849200	0.338200	0.223200
PD	0.9012	0.8000	0.8500	0.8148	0.8395	0.8950	0.9030	0.5000	0.5000	0.4444	0.8443	0.7654	0.8750
PIC	0.8513	0.6422	0.7037	0.7297	0.6611	0.7603	0.8315	0.7031	0.5547	0.5355	0.6306	0.6402	0.7435
PE	0.7728	0.5990	0.6949	0.5585	0.3786	0.2909	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.3512	0.5585	0.5990
MAF	0.002165	0.045455	0.002165	0.055556	0.055556	0.050000	0.025000	0.250000	0.250000	0.045455	0.075000	0.055556	0.025000
TPI	4.50	2.50	3.33	2.25	1.50	1.25	-	-	-	-	1.42	2.25	2.50

Tabla 55. Departamento de Choco II. Indicadores poblacionales y forenses para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, FGA, Penta D, Penta E, SE33, TH01, TPOX y vWA. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

ALELO	CSF1P0	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
6										
7	0.022222									
8	0.011111			0.066667	0.015625					
9	0.022222			0.122222	0.148438					
9.3										
10	0.233333			0.100000	0.171875	0.015625	0.007812			
11	0.277778	0.026316		0.322222	0.265625		0.023438	0.026316		0.078947
12	0.366667	0.052632		0.288889	0.242188	0.148438	0.046875	0.052632		
12.2							0.015625			
13	0.066667	0.289474		0.077778	0.132812	0.085938	0.234375	0.131579		
13.2							0.101562			
14		0.263158		0.022222	0.015625	0.148438	0.273438	0.131579		0.026316
14.2							0.046875			
15		0.184211	0.078947		0.007812	0.156250	0.117188	0.131579		0.394737
15.2							0.039062			
15.3								0.105263		
16		0.157895	0.026316			0.093750	0.039062	0.236842		0.368421
16.2							0.046875			
17		0.026316	0.078947			0.140625	0.007812	0.078947		0.105263
17.3								0.105263		
18			0.157895			0.093750				0.026316
18.2										
18.3			0.078947							
19			0.210526			0.062500				
20			0.210526			0.031250				
21			0.078947			0.015625				
22						0.007812				
22.2										
23			0.026316							
23.2										
24										
25			0.052632							
25.2										
26										
26.2										
27									0.031250	
27.2										
28									0.171875	
28.2										
29									0.195312	
29.2										
30									0.296875	
30.2									0.023438	
31									0.062500	
31.2									0.070312	
32									0.015625	
32.2									0.085938	
33										
33.2									0.039062	
34									0.007812	
35										
44.2										
N=64										

Tabla 56. Departamento de Cordoba I. Frecuencias alélicas para los loci: CSF1P0, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045.

ALELO	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	SE33	TH01	TPOX	Vwa
6									0.328125	0.022727	
7				0.033333	0.011111				0.281250	0.011364	
8				0.011111	0.088889				0.132812	0.386364	
9				0.033333	0.122222	0.015625			0.109375	0.090909	
9.3									0.140625		
10		0.131579		0.033333	0.266667	0.078125			0.007812	0.056818	
11		0.342105		0.333333	0.344444	0.093750				0.363636	
12		0.078947		0.366667	0.166667	0.132812				0.068182	
12.2											
13			0.007812	0.166667		0.367188					
13.2											
14		0.421053	0.101562	0.022222		0.218750					0.062500
14.2											
15	0.007812		0.437500			0.070312		0.078947			0.117188
15.2											
15.3											
16	0.031250	0.026316	0.250000			0.023438		0.026316			0.328125
16.2											
17	0.164062		0.093750				0.015625	0.131579			0.281250
17.3											
18	0.023438		0.093750					0.026316			0.148438
18.2							0.007812				
18.3											
19	0.132812		0.015625				0.062500	0.078947			0.046875
20	0.125000						0.070312				0.007812
21	0.070312						0.148438	0.026316			
22	0.085938						0.187500	0.078947			0.007812
22.2								0.026316			
23	0.203125						0.054688	0.026316			
23.2								0.026316			
24	0.062500						0.109375				
25	0.070312						0.179688				
25.2								0.131579			
26	0.023438						0.125000				
26.2								0.052632			
27							0.023438				
27.2								0.026316			
28							0.007812				
28.2								0.131579			
29											
29.2								0.026316			
30											
30.2								0.052632			
31											
31.2								0.026316			
32											
32.2											
33								0.026316			
33.2											
34											
35											
44.2							0.007812				
N=64											

Tabla 57. Departamento de Córdoba II. Frecuencias alélicas para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, FGA, Penta D, Penta E, SE33, TH01, TPOX y vWA.

CORDOBA	CSF1PO	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
n	45	19	19	45	64	64	64	19	64	19
Ho	0.733333	0.789474	0.789474	0.844444	0.781250	0.875000	0.875000	1.000000	0.859375	0.684211
He	0.736579	0.805121	0.880512	0.785518	0.807333	0.888287	0.842274	0.883357	0.831078	0.708393
P exact test	0.932200	0.344800	0.179200	0.847200	0.137200	0.350600	0.941200	0.835600	0.864200	0.074800
PD	0.8731	0.8809	0.9141	0.9027	0.9175	0.9619	0.8754	0.8430	0.8823	0.8033
PIC	0.6816	0.7508	0.8279	0.7451	0.7715	0.8695	0.7101	0.7649	0.7054	0.6364
PE	0.4817	0.5797	0.5098	0.6839	0.5647	0.7447	0.5882	10.000	0.5325	0.4043
MAF	0.022222	0.026316	0.026316	0.022222	0.007812	0.007812	0.007812	0.026316	0.007812	0.026316
TPI	1.88	2.38	2.0	3.21	2.29	4.00	2.43	-	2.11	1.58

Tabla 58. Departamento de Córdoba I. Indicadores poblacionales y forenses para los loci: CSF1PO, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

CORDOBA	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	vWA
n	64	19	64	45	45	64	64			19	64	44	64
Ho	0.875000	0.789474	0.640625	0.622222	0.844444	0.812500	0.859375	-	-	1.000000	0.703125	0.681818	0.703125
He	0.882136	0.699858	0.723548	0.730836	0.768040	0.785187	0.876969	-	-	0.941679	0.769808	0.709770	0.777313
P exact test	0.624600	0.741800	0.050000	0.092800	0.657200	0.308000	0.408000	-	-	0.836600	0.182200	0.705400	0.678200
PD	0.9604	0.7978	0.8721	0.8721	0.8731	0.9053	0.9563	-	-	0.8000	0.8538	0.8657	0.9131
PIC	0.8605	0.6254	0.6791	0.6770	0.7219	0.7512	0.8492	-	-	0.7716	0.6362	0.6526	0.7346
PE	0.7407	0.5797	0.3425	0.3184	0.6839	0.6224	0.7044	-	-	10000	0.3118	0.4007	0.4568
MAF	0.007812	0.026316	0.007812	0.011111	0.011111	0.015625	0.007812	-	-	0.026316	0.007812	0.011364	0.007812
TPI	3.94	2.38	1.39	1.32	3.21	2.67	3.44	-	-	-	1.31	1.57	1.66

Tabla 59. Departamento de Córdoba II. Indicadores poblacionales y forenses para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, FGA, Penta D, Penta E, SE33, TH01, TPOX y vWA. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

ALELO	CSF1PO	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
4										
5										
6										
7	0.006012			0.001002						
8	0.005010			0.103206	0.008488					
9	0.018036			0.180361	0.114198					
9.3										
10	0.225451			0.072144	0.173611	0.010802	0.002521	0.009494		
11	0.291583	0.006329		0.196393	0.264660	0.008488	0.005882	0.022152		0.037975
11.2							0.013445			
11.3										
12	0.392786	0.028481		0.262525	0.264660	0.109568	0.075630	0.113924		0.018987
12.2							0.007563			
12.3										
13	0.055110	0.224684		0.116232	0.148148	0.113426	0.233613	0.075949		0.003165
13.2						0.000772	0.115126			
14	0.006012	0.420886		0.064128	0.026235	0.161265	0.236134	0.075949		0.022152
14.2							0.036975			
14.3								0.003165		
15		0.227848	0.022152	0.003006		0.157407	0.168908	0.164557		0.373418
15.2						0.000772	0.057983	0.003165		
15.3								0.022152		
16		0.072785	0.015823			0.141204	0.030252	0.177215		0.474684
16.2							0.011765			
16.3								0.031646		
17		0.015823	0.088608			0.147377	0.000840	0.053797		0.047468
17.2							0.003361			
17.3			0.028481					0.196203		
18		0.003165	0.256329	0.001002		0.053241		0.003165		0.018987
18.3			0.018987					0.037975		
19			0.164557			0.028549				0.003165
19.2										
19.3			0.015823					0.006328		
20			0.174051			0.042438				
20.2										
20.3								0.003165		
21			0.082278			0.010031				
21.2										
22			0.044304			0.009259				
22.2										
23			0.056962			0.002315				
23.2										
24			0.025316			0.001543				
24.2										
25			0.003165						0.001543	
25.2										
26			0.003165						0.002315	
26.2									0.000772	
27									0.017747	
27.2										
28									0.107253	
28.2										
29									0.212191	
29.2										
30									0.295525	
30.2									0.023920	
31									0.062500	
31.2									0.079475	
32									0.024691	
32.2									0.121142	
33									0.003086	
33.2									0.041667	
34										
34.2									0.004630	
35									0.001543	
N=648										

Tabla 60. Departamento de Cundinamarca I. Frecuencias alélicas para los loci: CSF1PO, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045.

ALELO	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	Penta D	Penta E	SE33	TH01	TPOX	VWA
4											0.000772		
5									0.018182		0.001543		
6											0.372685	0.003006	
7				0.025050	0.017034				0.063636		0.246914	0.002004	
8				0.006012	0.094188	0.005401		0.009091	0.009091	0.003165	0.050154	0.471944	
9		0.003165		0.084168	0.076152	0.008488		0.181818	0.009091		0.134259	0.064128	
9.3											0.186728		
10		0.449367		0.047094	0.256513	0.077932		0.227273	0.090909		0.006944	0.041082	
11		0.256329		0.404810	0.322645	0.065586		0.172727	0.118182			0.296593	0.000772
11.2													
11.3		0.037975											
12		0.012658	0.001543	0.297595	0.180361	0.149691		0.163636	0.172727	0.006329		0.113226	0.001543
12.2													
12.3		0.003165											
13		0.012658	0.000772	0.124248	0.046092	0.315586		0.163636	0.054545	0.006329		0.006012	0.000772
13.2			0.000772										
14		0.193038	0.089506	0.011022	0.007014	0.243056		0.063636	0.072727	0.031646		0.002004	0.082562
14.2										0.003165			
14.3													
15		0.031646	0.385031			0.103395		0.018182	0.118182	0.041139			
15.2													
15.3													
16	0.041176		0.286265			0.030864			0.090909	0.037975			0.334877
16.2													
16.3													
17	0.202521		0.128858						0.045455	0.072785			0.276235
17.2										0.009494			
17.3													
18	0.045378		0.097222				0.012346		0.045455	0.098101			0.162809
18.3													
19	0.152941		0.010031				0.074846		0.009091	0.094937			0.050926
19.2							0.002315			0.003165			
19.3													
20	0.126050						0.087963		0.018182	0.047468			0.009259
20.2							0.003086						
20.3													
21	0.026891						0.131173		0.036364	0.028481			
21.2										0.009494			
22	0.106723						0.126543		0.009091	0.006329			
22.2							0.002315			0.028481			
23	0.166387						0.117284		0.009091	0.003165			
23.2										0.022152			
24	0.073950						0.174383		0.009091				
24.2										0.031646			
25	0.049580						0.140432						
25.2										0.066456			
26							0.094907						
26.2										0.050633			
27	0.000840						0.027778						
27.2										0.053797			
28							0.003858			0.003165			
28.2										0.066456			
29							0.000772			0.003165			
29.2										0.079114			
30													
30.2										0.037975			
31													
31.2										0.037975			
32													
32.2										0.003165			
33													
33.2										0.003165			
34										0.006329			
34.2													
35										0.003165			
N=648													

Tabla 61. Departamento de Cundinamarca II. Frecuencias alélicas para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, FGA, Penta D, PentaE, SE33, TH01, TPOX y vWA.

CUNDINAMARCA	CSF1PO	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
n	499	158	158	499	648	648	595	158	648	158
Ho	0.709419	0.689873	0.841772	0.813627	0.794753	0.865741	0.816807	0.848101	0.848765	0.645570
He	0.707119	0.716315	0.856982	0.827320	0.794633	0.877528	0.836791	0.874784	0.828604	0.632309
P exact test	0.233800	0.003800	0.600200	0.372800	0.528800	0.377400	0.378200	0.292800	0.889600	0.996600
PD	0.8645	0.8594	0.9506	0.9457	0.9274	0.9705	0.8907	0.9348	0.8756	0.7929
PIC	0.6562	0.6661	0.8183	0.8036	0.7648	0.8633	0.6931	0.7863	0.6775	0.5540
PE	0.4420	0.4557	0.6332	0.6240	0.5885	0.7195	0.4374	0.5585	0.5304	0.3547
MAF	0.006012	0.003165	0.003165	0.001002	0.008488	0.000772	0.000840	0.003165	0.00154	0.003165
TPI	1.72	1.77	2.75	2.68	2.43	3.63	1.70	2.25	2.10	1.43

Tabla 62. Departamento de Cundinamarca I. Indicadores poblacionales y forenses para los loci: CSF1PO, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

CUNDINAMARCA	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	VWA
n	595	158	648	499	499	648	648	55	55	158	648	499	648
Ho	0.815126	0.689873	0.705247	0.707415	0.773547	0.802469	0.867284	0.909091	0.854545	0.924051	0.751543	0.617234	0.768519
He	0.868899	0.694515	0.736199	0.722765	0.781219	0.797418	0.880267	0.835029	0.915096	0.945690	0.745255	0.671300	0.769701
P exact test	0.004200	0.254200	0.246400	0.132200	0.398200	0.256600	0.004200	0.214400	0.042600	0.048800	0.452000	0.027600	0.368000
PD	0.9680	0.8271	0.8888	0.8785	0.9209	0.9291	0.9699	0.9304	0.9640	0.9291	0.8376	0.8470	0.9123
PIC	0.8539	0.6138	0.6922	0.6789	0.7474	0.7663	0.8646	0.8063	0.9007	0.8335	0.6112	0.6210	0.7412
PE	0.6326	0.4099	0.4234	0.4454	0.5500	0.6071	0.7268	0.8397	0.6753	0.5353	0.3810	0.3202	0.5550
MAF	0.000840	0.003165	0.000772	0.006012	0.007014	0.005401	0.000772	0.009091	0.009091	0.003165	0.000772	0.002004	0.000772
TPI	2.75	1.60		1.73	2.20	2.56	3.73	6.38	3.13	2.13	1.31	1.33	2.23

Tabla 63. Departamento de Cundinamarca II. Indicadores poblacionales y forenses para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, FGA, PentaD, Penta E, SE33, TH01, TPOX y VWA. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

ALELO	CSF1P0	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
2.2										
5										
6										
7	0.009434									
8	0.004717			0.084906	0.018405					
9	0.014151			0.160377	0.156442					
9.3										
10	0.193396			0.089623	0.156442	0.003067	0.003378			
11	0.254717			0.226415	0.254601	0.006135	0.003378	0.034483		0.043103
11.2							0.010135			
11.3										
12	0.471698	0.051724		0.250000	0.251534	0.098160	0.070946	0.068966		0.051724
12.2							0.016892			
13	0.047170	0.275862		0.127358	0.138037	0.104294	0.206081	0.094828		
13.2							0.087838			
13.3										
14		0.327586		0.056604	0.024540	0.174847	0.293919	0.129310		0.025862
14.2							0.037162			
14.3								0.008621		
15	0.004717	0.206897	0.017241	0.004717		0.147239	0.155405	0.137931		0.422414
15.2							0.064189			
15.3								0.025862		
16		0.112069	0.008621			0.122699	0.027027	0.267241		0.413793
16.2							0.013514			
16.3								0.017241		
17		0.025862	0.103448			0.190184	0.010135	0.025862		0.025862
17.3			0.043103					0.137931		
18			0.215517			0.067485		0.025862		0.017241
18.1			0.008621							
18.3								0.017241		
19			0.198276			0.042945				
19.3			0.008621					0.008621		
20			0.181034			0.009202				
20.2										
21			0.077586			0.024540				
21.2										
22			0.068966			0.009202				
22.2										
23			0.043103							
23.2										
24			0.008621							
24.2										
25			0.008621							
25.2										
26			0.008621						0.003067	
26.2										
27									0.012270	
27.2										
28									0.107362	
28.2										
29									0.208589	
29.2										
30									0.266871	
30.2									0.024540	
31									0.079755	
31.2									0.082822	
32									0.024540	
32.2									0.138037	
33										
33.2									0.049080	
34									0.003067	
N=163										

Tabla 64. Departamento de Huila I. Frecuencias alélicas para los loci: CSF1P0, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045.

ALELO	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	Vwa
2.2								0.066667					
5									0.066667				
6					0.004717						0.389571		
7				0.023585	0.254717				0.033333		0.239264	0.004717	
8					0.132075	0.003067		0.066667			0.067485	0.471698	
9		0.008621		0.103774	0.084906	0.003067		0.066667			0.107362	0.061321	
9.3											0.187117		
10		0.396552		0.094340		0.073620		0.166667	0.066667		0.009202	0.051887	
11		0.258621		0.372642	0.278302	0.101227		0.166667	0.033333			0.311321	
11.2													
11.3		0.025862											
12		0.034483		0.254717	0.193396	0.110429		0.266667	0.266667			0.099057	
12.2													
13		0.008621		0.146226	0.042453	0.349693		0.166667	0.133333				
13.2													
13.3		0.008621											
14		0.241379	0.085890	0.004717	0.009434	0.242331		0.033333	0.033333	0.0172241			0.058282
14.2													
14.3													
15		0.017241	0.355828			0.098160			0.133333	0.051724			0.064417
15.2													
15.3													
16	0.043919		0.279141			0.018405			0.100000	0.094828			0.365031
16.2													
16.3													
17	0.256757		0.153374				0.003067		0.033333	0.068966			0.282209
17.3													
18	0.070946		0.119632						0.033333	0.094828			0.196319
18.1													
18.3													
19	0.152027		0.006135				0.055215			0.094828			0.030675
19.3													
20	0.148649						0.070552		0.033333	0.025862			0.003067
20.2							0.003067			0.008621			
21	0.033784						0.131902		0.033333	0.017241			
21.2							0.003067			0.025862			
22	0.064189						0.150307						
22.2							0.006135			0.025862			
23	0.121622						0.190184						
23.2										0.051724			
24	0.040541						0.125767						
24.2										0.060345			
25	0.064189						0.141104						
25.2										0.043103			
26	0.003378						0.085890						
26.2										0.051724			
27							0.024540						
27.2										0.051724			
28							0.006135						
28.2										0.086207			
29							0.003067						
29.2										0.077586			
30													
30.2										0.034483			
31													
31.2										0.008621			
32													
32.2													
33													
33.2										0.008621			
34													
N=163													

Tabla 65. Departamento de Huila II. Frecuencias alélicas para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, FGA, Penta D, Penta E, SE33, TH01, TPOX y vWA.

HUILA	CSF1PO	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
n	106	58	58	106	163	163	148	58	163	58
Ho	0.679245	0.724138	0.879310	0.801887	0.809816	0.748466	0.810811	0.913793	0.803681	0.741379
He	0.675847	0.764468	0.862969	0.829742	0.805437	0.871468	0.830119	0.863568	0.840264	0.649775
P exact test	0.597400	0.545200	0.783800	0.600000	0.600800	0.014200	0.062400	0.625200	0.744800	0.409400
PD	0.8339	0.9025	0.9443	0.9452	0.9284	0.9660	0.8891	0.9176	0.8861	0.7652
PIC	0.6206	0.7186	0.8230	0.8031	0.7739	0.8548	0.6973	0.7882	0.6893	0.5787
PE	0.3969	0.4666	0.7201	0.6025	0.6174	0.5071	0.3842	0.7663	0.4081	0.4951
MAF	0.004717	0.025862	0.008621	0.004717	0.018405	0.003067	0.003378	0.008621	0.003067	0.017241
TPI	1.56	1.81	3.64	2.52	2.63	1.99	1.52	4.38	1.60	1.93

Tabla 66. Departamento de Huila I. Indicadores poblacionales y forenses para los loci: CSF1PO, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

HUILA	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	vWA
n	148	58	163	106	106	163	163	15	15	58	163	106	163
Ho	0.871622	0.758621	0.730061	0.716981	0.792453	0.754601	0.889571	0.800000	1.000000	0.948276	0.736196	0.698113	0.730061
He	0.858978	0.721439	0.752525	0.758204	0.797460	0.783539	0.874677	0.859770	0.896552	0.942729	0.742086	0.667442	0.742350
P exact test	0.350000	0.080200	0.881800	0.436600	0.447800	0.156200	0.393200	0.027400	0.646800	0.011600	0.142600	0.859600	0.183400
PD	0.9596	0.8162	0.8990	0.9044	0.9203	0.9150	0.9618	0.8402	0.9067	0.8472	0.8145	0.8245	0.8799
PIC	0.8410	0.6367	0.7107	0.7186	0.7631	0.7520	0.8561	0.7822	0.8547	0.7982	0.6019	0.6106	0.6981
PE	0.7379	0.4941	0.4763	0.4550	0.5851	0.5177	0.7685	0.5432	10000	0.5098	0.3655	0.4253	0.4763
MAF	0.003378	0.008621	0.006135	0.004717	0.004717	0.003067	0.003067	0.033333	0.033333	0.008621	0.009202	0.004717	0.003067
TPI	3.89	1.93	1.85	1.77	2.41	2.04	4.42	2.17	-	2.00	1.46	1.66	1.85

Tabla 67. Departamento de Huila II. Indicadores poblacionales y forenses para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, FGA, Penta D, Penta E, SE33, TH01, TPOX y vWA. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

ALELO	CSF1PO	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
5										
6										
7										
8	0.047170			0.047170	0.036232					
9	0.009434			0.141509	0.166667					
9.3										
10	0.169811			0.028302	0.159420	0.014493	0.007692			
11	0.301887			0.245283	0.253623	0.007246	0.053846	0.029412		0.088235
11.3										
12	0.405660	0.117647		0.339623	0.246377	0.115942	0.061538			
12.2							0.007692			
13	0.047170	0.205882		0.122642	0.108696	0.079710	0.269231	0.176471		
13.2							0.076923			
14	0.018868	0.352941		0.075472	0.028986	0.137681	0.223077	0.205882		0.029412
14.2							0.038462			
15		0.176471	0.029412			0.152174	0.138462	0.176471		0.352941
15.2						0.007246	0.069231			
15.3								0.029412		
16		0.088235	0.029412			0.181159	0.023077	0.147059		0.382353
16.2							0.015385			
16.3								0.029412		
17		0.058824	0.147059			0.130435	0.007692	0.029412		0.117647
17.2							0.007692			
17.3								0.117647		
18			0.411765			0.057971				0.029412
18.3								0.058824		
19			0.176471			0.036232				
20			0.029412			0.014493				
21			0.088235			0.014493				
22			0.058824			0.014493				
22.2										
23						0.021739				
24										
24.2									0.014493	
25			0.029412							
25.2										
25.3										
26										
26.2										
27									0.014493	
27.2										
28									0.115942	
29									0.210145	
29.2										
30						0.007246			0.311594	
30.1						0.007246				
30.2									0.014493	
31									0.065217	
31.2									0.057971	
32									0.014493	
32.2									0.108696	
33										
33.2									0.050725	
34										
35									0.007246	
36									0.014493	
N= 69										

Tabla 68. Departamento de La Guajira I. Frecuencias alélicas para los loci: CSF1PO, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045.

ALELO	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	Vwa
5									0.200000				
6												0.297101	0.037736
7				0.037736								0.297101	0.009434
8				0.009434	0.150943			0.100000				0.130435	0.433962
9				0.028302	0.084906			0.100000				0.123188	0.132075
9.3												0.144928	
10		0.264706		0.066038	0.311321	0.057971		0.300000	0.200000		0.007246	0.037736	
11		0.264706		0.339623	0.301887	0.050725		0.300000	0.100000				
11.3		0.029412										0.273585	
12		0.117647	0.007246	0.358491	0.113208	0.094203		0.100000	0.100000			0.075472	
12.2													
13		0.058824		0.141509	0.037736	0.224638				0.029412			
13.2													
14		0.176471	0.101449	0.018868		0.297101		0.100000		0.029412			0.065217
14.2										0.029412			0.123188
15		0.088235	0.289855			0.224638			0.200000				
15.2													
15.3													
16	0.046154		0.362319			0.043478			0.200000	0.058824			0.362319
16.2													
16.3													
17	0.223077		0.152174			0.007246	0.014493			0.088235			0.210145
17.2							0.007246						
17.3													
18	0.092308		0.086957							0.117647			0.144928
18.3													
19	0.161538						0.065217			0.058824			0.072464
20	0.130769						0.086957			0.058824			0.014493
21	0.030769						0.166667			0.147059			0.007246
22	0.115385						0.115942						
22.2										0.029412			
23	0.069231						0.159420						
24	0.053846						0.137681						
24.2													
25	0.053846						0.108696						
25.2										0.029412			
25.3							0.007246						
26	0.015385						0.072464						
26.2										0.117647			
27	0.007692						0.028986						
27.2										0.029412			
28							0.014493						
29							0.007246						
29.2										0.029412			
30							0.007246						
30.1													
30.2													
31													
31.2										0.088235			
32										0.029412			
32.2													
33													
33.2										0.029412			
34													
35													
36													
N= 69													

Tabla 69. Departamento de La Guajira II. Frecuencias alélicas para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S179, FGA, PentaD, PentaE, SE33, TH01, TPOX y vWA

LA GUAJIRA	CSF1PO	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
n	53	17	17	53	69	69	65	17	69	17
Ho	0.566038	0.882353	0.705882	0.811321	0.797101	0.913043	0.784615	0.823529	0.826087	0.588235
He	0.717341	0.800357	0.786096	0.788140	0.813710	0.888501	0.845200	0.878788	0.828203	0.727273
P exact test	0.058600	0.232000	0.360200	0.292800	0.401800	0.756600	0.046200	0.225000	0.545000	0.361000
PD	0.8701	0.8512	0.8858	0.9035	0.9259	0.9614	0.8744	0.8200	0.8679	0.8581
PIC	0.6630	0.7456	0.7371	0.7502	0.7803	0.8631	0.7109	0.7188	0.6777	0.6565
PE	0.2521	0.7595	0.4374	0.6202	0.5937	0.8140	0.4165	0.5990	0.4566	0.2770
MAF	0.009434	0.058824	0.029412	0.028302	0.028986	0.007692	0.007692	0.029412	0.014493	0.029412
TPI	1.15	4.25	1.70	2.65	2.46	5.50	1.63	2.50	1.77	1.21

Tabla 70. Departamento de La Guajira I. Indicadores poblacionales y Forenses para los loci: CSF1PO, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

LA GUAJIRA	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	vWA
n	65	17	69	53	53	69	69	5	5	17	69	53	69
Ho	0.876923	0.823529	0.753623	0.754717	0.754717	0.69565	0.956522	1000000	1000000	0.941176	0.826087	0.641509	0.782609
He	0.877996	0.827094	0.749074	0.736029	0.775022	0.799852	0.890511	0.866667	0.911111	0.944742	0.717520	0.717250	0.784301
P exact test	0.711000	0.284400	0.013600	0.273600	0.391000	0.023400	0.041200	0.768400	1000000	0.206000	0.879800	0.068800	0.923800
PD	0.9614	0.8750	0.8780	0.8637	0.8960	0.9225	0.9517	0.7200	0.8000	0.7778	0.8580	0.8693	0.9124
PIC	0.8584	0.7529	0.7029	0.6859	0.7404	0.7646	0.8694	0.7482	0.7942	0.7456	0.6641	0.6685	0.7495
PE	0.7486	0.6224	0.5160	0.5179	0.5672	0.4216	0.9090	10000	10000	0.6623	0.5185	0.3437	0.5672
MAF	0.007692	0.029412	0.007246	0.009434	0.037736	0.007246	0.007246	0.100000	0.100000	0.029412	0.007246	0.009434	0.007246
TPI	2.31	2.67	2.03	2.04	2.30	1.64	11.17	-	-	3.00	2.04	1.39	2.30

Tabla 71. Departamento de La Guajira II. Indicadores poblacionales y forenses para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, FGA, Penta D, Penta E, SE33, TH01, TPOX, y vWA. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

ALELO	CSF1P0	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
4										
5					0.003378					
6										
7	0.004505									
8	0.031532			0.099099	0.027027					0.012500
9	0.036036	0.012500		0.175676	0.152027					
9.3										
10	0.252252			0.040541	0.152027	0.010135	0.010949	0.025000		
11	0.265766	0.025000		0.225225	0.320946	0.013514	0.021898	0.025000		0.062500
11.3										
12	0.346847	0.100000		0.270270	0.189189	0.125000	0.087591	0.087500		0.012500
12.2							0.007299			
12.3										
13	0.045045	0.150000		0.117117	0.135135	0.104730	0.229927	0.062500		0.012500
13.2							0.069343			
14	0.013514	0.400000		0.063063	0.020270	0.148649	0.273723	0.112500		0.012500
14.2							0.032847			
14.3								0.012500		
15	0.004505	0.162500	0.075000	0.009009		0.145270	0.131387	0.225000		0.412500
15.2							0.065693			
15.3								0.025000		
16		0.125000	0.050000			0.145270	0.025547	0.137500		0.387500
16.2							0.029197			
16.3								0.050000		
17		0.025000	0.087500			0.114865	0.007299	0.037500		0.087500
17.2							0.007299			
17.3								0.112500		
18			0.187500			0.094595				
18.2										
18.3								0.087500		
19			0.175000			0.037162				
19.2										
19.3			0.0125500							
20			0.225000			0.033784				
21			0.075000			0.016892				
21.2										
22			0.037500			0.006757				
22.2										
23			0.050000			0.003378				
23.2										
24			0.025000							
24.2									0.003378	
25										
25.2										
26										
26.2										
27									0.033784	
27.2										
28									0.114865	
28.2										
29									0.192568	
29.2										
30									0.219595	
30.2									0.043919	
31									0.067568	
31.2									0.081081	
32									0.037162	
32.2									0.148649	
33									0.010135	
33.2									0.037162	
34										
34.2									0.006757	
35									0.003378	
N=148										

Tabla 72. Departamento de Magdalena I. Frecuencias alélicas para los loci: CSF1P0, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045.

ALELO	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	Vwa
4											0.003378	0.022523	
5													
6					0.004505						0.310811		
7				0.058559	0.009009			0.038462	0.076923		0.199324	0.009009	
8				0.022523	0.139640			0.076923		0.012500	0.128378	0.445946	
9			0.003378	0.049550	0.085586	0.006757		0.153846			0.155405	0.108108	
9.3											0.185811		
10		0.337500		0.049550	0.270270	0.054054		0.269231	0.076923		0.016892	0.063063	
11		0.362500		0.297297	0.265766	0.101351		0.076923	0.076923			0.256757	0.003378
11.3		0.025000											
12		0.050000		0.328829	0.175676	0.138514		0.115385	0.153846	0.012500		0.094595	
12.2										0.012500			
12.3		0.012500											
13				0.171171	0.045045	0.273649		0.230769	0.115385				0.013514
13.2													
14		0.212500	0.084459	0.022523	0.004505	0.263514		0.038462	0.115385	0.050000			0.050676
14.2													
14.3													
15	0.003650		0.418919			0.118243			0.230769	0.037500			0.084459
15.2													
15.3													
16	0.021898		0.283784			0.023649				0.075000			0.344595
16.2													
16.3													
17	0.142336		0.135135			0.020270	0.003401		0.038462	0.100000			0.300676
17.2													
17.3													
18	0.072993		0.070946							0.050000			0.128378
18.2							0.010204						
18.3													
19	0.167883		0.003378				0.091837		0.038462	0.175000			0.070946
19.2							0.006803			0.012500			
19.3													
20	0.120438						0.064626		0.076923	0.012500			0.003378
21	0.029197						0.142857			0.037500			
21.2							0.003401						
22	0.087591						0.129252			0.012500			
22.2							0.003401						
23	0.149635						0.132653						
23.2	0.003650									0.025000			
24	0.098540						0.149660						
24.2	0.003650									0.025000			
25	0.072993						0.129252						
25.2										0.025000			
26	0.021898						0.105442						
26.2										0.062500			
27	0.003650						0.013605						
27.2										0.062500			
28							0.010204						
28.2										0.062500			
29													
29.2										0.050000			
30													
30.2							0.003401			0.025000			
31													
31.2										0.025000			
32													
32.2													
33													
33.2										0.025000			
34										0.012500			
34.2													
35													
N=148													

Tabla 73. Departamento de Magdalena II. Frecuencias alélicas para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S179, FGA, Penta D, Penta E, SE33, TH01, TPOX y vWA.

MAGDALENA	CSF1PO	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
n	111	40	40	111	148	148	137	40	148	40
Ho	0.702703	0.825000	0.825000	0.810811	0.777027	0.844595	0.883212	0.900000	0.837838	0.700000
He	0.744242	0.773734	0.868354	0.819820	0.798259	0.886807	0.83786	0.891139	0.865186	0.675949
P exact test	0.074	0.789600	0.110600	0.495400	0.763200	0.595600	0.777400	0.416800	0.648200	0.884800
PD	0.8795	0.9007	0.9391	0.9381	0.9296	0.9703	0.8872	0.8643	0.9191	0.8284
PIC	0.6969	0.7381	0.8389	0.7941	0.7679	0.8722	0.7117	0.7568	0.7512	0.6130
PE	0.4228	0.6376	0.6287	0.6224	0.5332	0.6842	0.6353	0.6794	0.4914	0.4165
MAF	0.004505	0.012500	0.012500	0.009009	0.003378	0.003378	0.007299	0.012500	0.003378	0.012500
TPI	1.65	2.79	2.71	2.67	2.11	3.22	2.77	3.17	1.92	1.63

Tabla 74. Departamento de Magdalena I. Indicadores Poblacionales y Forenses para los loci: CSF1PO, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

MAGDALENA	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	vWA
n	137	40	148	111	111	148	147	13	13	40	148	111	148
Ho	0.846715	0.725000	0.729730	0.792793	0.783784	0.804054	0.904762	0.769231	0.846154	0.900000	0.790541	0.729730	0.831081
He	0.887998	0.715190	0.715941	0.768293	0.800090	0.811040	0.884981	0.855385	0.904615	0.938608	0.790884	0.713220	0.762002
P exact test	0.172400	0.023800	0.439200	0.008600	0.847200	0.686800	0.263800	0.383800	0.529800	0.377600	0.176400	0.975200	0.099600
PD	0.9686	0.7917	0.8737	0.8932	0.8985	0.9347	0.9640	0.8994	0.9231	0.9067	0.8674	0.8729	0.8771
PIC	0.8712	0.5871	0.6729	0.7282	0.7322	0.7825	0.8614	0.7999	0.8568	0.8551	0.6675	0.6765	0.7558
PE	0.6985	0.4631	0.4617	0.5891	0.5129	0.6193	0.7954	0.5432	0.6873	0.8639	0.4483	0.4946	0.6689
MAF	0.003650	0.012500	0.003378	0.022523	0.004505	0.006757	0.003401	0.038462	0.038462	0.012500	0.003378	0.009009	0.003378
TPI	3.38	1.80	1.80	2.43	2.04	2.64	5.00	2.17	3.25	7.50	1.74	1.93	3.06

Tabla 75. Departamento de Magdalena II. Indicadores poblacionales y forenses para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, FGA, Penta D, Penta E, SE33, TH01, TPOX y vWA. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

ALELO	CSF1PO	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
5										
6										
7	0.010965						0.001779			
8	0.004386			0.052632	0.008621					
8.2							0.001779			
9	0.015351			0.199561	0.127586					
9.3										
10	0.256579			0.043860	0.177586	0.005172	0.001779			0.007937
10.2							0.003559			
11	0.256579	0.007937		0.173246	0.294828	0.012069	0.008897	0.039683	0.001724	0.039683
11.2							0.003559			
11.3										
12	0.364035	0.015873		0.265351	0.270690	0.062069	0.062278	0.031746		0.007937
12.2							0.010676			
12.3										
13	0.081140	0.357143		0.186404	0.105172	0.081034	0.190391	0.214286		0.023810
13.2							0.106762			
14	0.010965	0.349206		0.078947	0.012069	0.246552	0.259786	0.079365	0.001724	0.007937
14.2							0.033808	0.015873		
14.3								0.007937		
15		0.174603	0.031746			0.144828	0.161922	0.126984		0.365079
15.2							0.080071	0.007937		
15.3								0.007937		
16		0.063492	0.031746			0.156897	0.046263	0.142857		0.468254
16.2							0.023132			
16.3								0.031746		
17		0.023810	0.047619			0.137931	0.001779	0.071429		0.063492
17.3								0.190476		
18			0.158730			0.077586				0.015873
18.2										
18.3			0.023810					0.031746		
19			0.277778			0.029310				
20			0.198413			0.018966				
20.2										
21			0.071429			0.012069				
21.2										
22			0.103175			0.013793				
22.2										
23			0.047619			0.001724				
23.2										
24			0.007937							
24.2										
24.3									0.001724	
25										
25.2										
26										
26.2										
27						0.001724			0.013793	
27.2										
28						0.001724			0.081034	
28.2										
29									0.241379	
29.2									0.001724	
30									0.229310	
30.2									0.010345	
31									0.039655	
31.2									0.120690	
32									0.010345	
32.2									0.175862	
33										
33.2									0.062069	
34										
34.2									0.003448	
35									0.005172	
N=290										

Tabla 76. Departamento de Nariño I. Frecuencias alélicas para los loci: CSF1PO, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045.

ALELO	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	Vwa
5											0.001736		
6											0.345486	0.002193	
7	0.001779			0.054825	0.004405			0.045455	0.136364		0.302083	0.002193	
8				0.013158	0.099119	0.003448			0.136364		0.090278	0.506579	
8.2													
9				0.111842	0.085903	0.006897		0.136364			0.074653	0.067982	
9.3	0.001779										0.171875		
10		0.468254		0.061404	0.292952	0.077586		0.181818	0.090909			0.041667	
10.2													
11		0.190476		0.432018	0.268722	0.100000		0.227273	0.045455			0.265351	
11.2													
11.3		0.015873											
12		0.023810	0.005172	0.228070	0.213656	0.150000		0.136364	0.136364	0.015873		0.109649	
12.2													
12.3													
13		0.023810	0.001724	0.083333	0.028634	0.339655		0.227273	0.045455			0.004386	0.001724
13.2										0.007937			
14		0.261905	0.079310	0.015351	0.006608	0.218966				0.007937			0.037931
14.2										0.007937			
14.3													
15		0.015873	0.470690			0.082759			0.090909	0.047619			0.060345
15.2													
15.3													
16	0.028470		0.212069			0.020690				0.047619			0.398276
16.2													
16.3													
17	0.188612		0.134483				0.006897		0.045455	0.071429			0.298276
17.3													
18	0.040925		0.089655				0.003448		0.090909	0.134921			0.153448
18.2							0.005172						
18.3													
19	0.240214		0.006897				0.060345		0.045455	0.087302			0.043103
20	0.112100						0.086207		0.090909	0.039683			0.005172
20.2										0.007937			
21	0.037367						0.075862			0.023810			0.001724
21.2										0.007937			
22	0.088968						0.110345		0.045455	0.007937			
22.2							0.001724			0.023810			
23	0.165480						0.144828						
23.2										0.015873			
24	0.062278						0.165517						
24.2										0.023810			
24.3													
25	0.028470						0.172414						
25.2										0.031746			
26	0.003559						0.118966						
26.2										0.103175			
27							0.039655						
27.2										0.079365			
28							0.005172						
28.2										0.095238			
29							0.001724						
29.2										0.071429			
30							0.001724						
30.2										0.023810			
31													
31.2													
32													
32.2										0.015873			
33													
33.2													
34													
34.2													
35													
N=290													

Tabla 77. Departamento de Nariño II. Frecuencias alélicas para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S179, FGA, PentaD, PentaE, SE33, TH01, TPOX y vWA.

NARIÑO	CSF1PO	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
n	228	63	63	228	290	290	281	63	290	63
Ho	0.728070	0.714286	0.809524	0.785088	0.737931	0.831034	0.797153	0.841270	0.882759	0.666667
He	0.730335	0.720762	0.842032	0.815867	0.782050	0.857906	0.845808	0.871746	0.832648	0.645968
P exact te	0.807000	0.598200	0.373800	0.356600	0.323600	0.276800	0.001200	0.849600	0.478600	0.052400
PD	0.8764	0.8612	0.9394	0.9383	0.9215	0.9629	0.8909	0.9011	0.8772	0.7805
PIC	0.6814	0.6659	0.8026	0.7882	0.7649	0.8419	0.7006	0.7631	0.6397	0.5777
PE	0.4730	0.4507	0.5990	0.5717	0.4893	0.6578	0.3880	0.4961	0.5679	0.3786
MAF	0.004386	0.007937	0.007937	0.043360	0.001724	0.001724	0.001779	0.007937	0.001724	0.007937
TPI	1.84	1.75	2.50	2.33	1.91	2.96	1.53	1.94	2.30	1.50

Tabla 78. Departamento de Nariño I. Indicadores poblacionales y forenses para los loci: CSF1PO, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

NARIÑO	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	vWA
n	281	63	290	228	227	290	290	11	11	63	288	228	290
Ho	0.882562	0.666667	0.668966	0.767544	0.748899	0.768966	0.875862	0.861472	0.909091	0.920635	0.715278	0.666667	0.727586
He	0.851783	0.679619	0.702198	0.736322	0.779950	0.792198	0.878566	1000000	0.943723	0.934857	0.747222	0.655996	0.723137
P exact te	0.391200	0.572200	0.360800	0.325000	0.748800	0.686800	0.707200	0.998000	0.503800	0.447400	0.194400	0.097400	0.123400
PD	0.9561	0.8277	0.8687	0.8889	0.9049	0.9285	0.9686	0.8926	0.9091	0.8672	0.8368	0.8295	0.8714
PIC	0.8321	0.6129	0.6631	0.7021	0.7238	0.7634	0.8625	0.7979	0.8923	0.7375	0.6159	0.6062	0.6782
PE	0.7591	0.3632	0.3819	0.5403	0.4875	0.5428	0.7429	10000	0.8140	0.7447	0.3576	0.3786	0.4722
MAF	0.001779	0.015873	0.001724	0.013158	0.004405	0.003448	0.001724	0.045455	0.045455	0.007937	0.001736	0.002193	0.001724
TPI	4.24	1.45	1.51	2.15	1.90	2.16	3.97	-	5.50	4.00	1.44	1.50	1.84

Tabla 79. Departamento de Nariño II. Indicadores poblacionales y forenses para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, FGA, Penta D, Penta E, SE33, TH01, TPOX, y vWA. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

ALELO	CSF1PO	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
5										
6										
6.1										
7	0.006977									
8	0.011628			0.077907	0.009146					
9	0.010465	0.006522		0.150000	0.153963					
9.1										
9.3										
10	0.298837			0.076744	0.134146	0.005335				0.006522
11	0.273256	0.008696		0.222093	0.271341	0.009909	0.007235	0.032751		0.065217
11.2							0.004823			
11.3										
12	0.337209	0.026087		0.289535	0.278201	0.088415	0.069936	0.113537		0.013043
12.2							0.004823			
12.3										
13	0.058140	0.247826		0.132558	0.134146	0.115091	0.248392	0.111354		0.004348
13.2						0.000762	0.096463			
13.3										
14	0.003488	0.380435		0.048837	0.019055	0.178354	0.263666	0.085153		0.017391
14.2							0.040997			
14.3								0.004367		
15		0.226087	0.021739	0.002326		0.135671	0.167203	0.148472		0.406522
15.2							0.041801			
15.3								0.039301		
16		0.089130	0.039130			0.127287	0.039389	0.131004		0.439130
16.2							0.013666			
16.3								0.063319		
17		0.006522	0.073913			0.157012	0.001608	0.069869		0.043478
17.1								0.002183		
17.2										
17.3			0.019565					0.139738		
18		0.008696	0.200000			0.071646		0.006550		0.004348
18.3			0.013043					0.045852		
19			0.191304			0.039634		0.002183		
19.3			0.013043					0.004367		
20			0.163043			0.048018				
20.2										
20.3			0.002174							
21			0.093478			0.016768				
21.2										
22			0.063043			0.002287				
22.2										
23			0.060870			0.000762				
23.2										
24			0.015217			0.000762				
24.2										
25			0.015217							
25.2										
26			0.015217			0.000762			0.000762	
26.2									0.001524	
27						0.000762			0.017530	
27.2										
28									0.085366	
28.2										
29						0.000762			0.201982	
29.2										
30									0.323171	
30.2									0.028201	
31									0.064024	
31.2									0.108994	
32									0.009909	
32.2									0.110518	
33									0.001524	
33.2									0.041159	
34										
34.2									0.001524	
35									0.003049	
36									0.000762	
48.2										
N=656										

Tabla 80. Departamento de Norte de Santander I. Frecuencias alélicas para los loci: CSF1PO, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045.

ALELO	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	Vwa
5									0.054054		0.000762		
6									0.013514		0.394817	0.003488	
6.1											0.000762		
7				0.046512	0.022093			0.013514	0.094595		0.195122	0.001163	
8				0.004651	0.106977	0.006098		0.040541			0.090701	0.469767	
9				0.055814	0.086047			0.216216	0.013514	0.002174	0.110518	0.075581	
9.1					0.001163								
9.3											0.195884		
10		0.389130		0.054651	0.300000	0.070122		0.189189	0.027027		0.011433	0.052326	
11		0.265217		0.413953	0.265116	0.082317		0.175676	0.06768			0.313953	
11.2													
11.3		0.045652											
12		0.023913		0.290698	0.181395	0.135671		0.175676	0.256757	0.002174		0.081395	
12.2													
12.3		0.002174											
13		0.023913	0.005335	0.124419	0.029070	0.291159		0.135135	0.108108	0.004348			0.002287
13.2										0.002174			
13.3		0.002174											
14	0.001608	0.217391	0.093750	0.006977	0.008140	0.274390		0.054054	0.094595	0.015217		0.002326	0.094512
14.2													
14.3													
15		0.030435	0.377287	0.002326		0.122713			0.067568	0.047826			0.085366
15.2													
15.3													
16	0.035370		0.255335			0.016006			0.040541	0.039130			0.354421
16.2													
16.3													
17	0.191318		0.157774			0.001524	0.000762		0.027027	0.097826			0.258384
17.1													
17.2										0.002174			
17.3													
18	0.063505		0.099085				0.010671		0.040541	0.117391			0.141768
18.3													
19	0.141479		0.009146				0.062500			0.089130			0.053354
19.3													
20	0.127010						0.084604		0.040541	0.065217			0.009146
20.2							0.000762						
20.3													
21	0.031350						0.137195		0.040541	0.030435			
21.2							0.001524			0.008696			
22	0.113344						0.118140		0.013514	0.017391			
22.2							0.002287			0.008696			
23	0.143087						0.121951						
23.2							0.000762			0.023913			
24	0.072347						0.153201			0.002174			
24.2										0.032609			
25	0.069936						0.173780						
25.2										0.041304			
26	0.009646						0.094512						
26.2										0.054348			
27							0.032774			0.002174			
27.2										0.069565			
28							0.003049						
28.2										0.071739			
29							0.000762						
29.2										0.067391			
30													
30.2										0.028261			
31													
31.2										0.045652			
32													
32.2										0.004348			
33													
33.2													
34										0.004348			
34.2													
35										0.002174			
36													
48.2							0.000762						
N=656													

Tabla 81. Departamento de Norte De Santander II. Frecuencias alélicas para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S179, FGA, PentaD, PentaE, SE33, TH01, TPOX y vWA.

NORTE DE SANTANDER	CSF1PO	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
n	430	230	230	430	656	656	622	229	656	230
Ho	0.751163	0.704348	0.873913	0.820930	0.771341	0.873476	0.829582	0.890830	0.810976	0.595652
He	0.719468	0.735474	0.873411	0.813369	0.789438	0.879109	0.822022	0.896983	0.816994	0.636592
P exact test	0.715800	0.891000	0.019200	0.954800	0.482000	0.203400	0.298600	0.503600	0.145400	0.639600
PD	0.8622	0.8897	0.9550	0.9370	0.9251	0.9716	0.8740	0.9446	0.8620	0.8092
PIC	0.6671	0.6926	0.8424	0.7861	0.7578	0.8664	0.6853	0.8161	0.6441	0.5656
PE	0.4730	0.4465	0.7266	0.6301	0.5522	0.7493	0.5205	0.7090	0.4020	0.2853
MAF	0.003488	0.006522	0.013043	0.002326	0.009146	0.000762	0.001608	0.004367	0.000762	0.004348
TPI	1.84	1.73	3.73	2.73	2.21	4.08	2.05	3.50	1.58	1.24

Tabla 82. Departamento de Norte de Santander I. Indicadores poblacionales y forenses para los loci: CSF1PO, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

NORTE DE SANTANDER	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	vWA
n	622	230	656	430	430	656	656	37	37	230	656	430	656
Ho	0.906752	0.721739	0.746951	0.697674	0.776744	0.814024	0.865854	0.864865	0.918919	0.952174	0.733232	0.676744	0.760671
He	0.878147	0.728398	0.749413	0.721155	0.787476	0.795089	0.878143	0.844132	0.895964	0.937264	0.747673	0.666432	0.768955
P exact test	0.738200	0.496600	0.531200	0.310800	0.011600	0.957800	0.892600	0.632400	0.416600	0.854800	0.987600	0.030800	0.681200
PD	0.9697	0.8520	0.8985	0.8852	0.9265	0.9269	0.9709	0.9311	0.9495	0.9444	0.8411	0.8241	0.9186
PIC	0.8666	0.6444	0.7103	0.6804	0.7607	0.7670	0.8630	0.8038	0.8677	0.8356	0.6174	0.6093	0.7393
PE	0.8344	0.4141	0.4970	0.4287	0.5497	0.6355	0.7133	0.6919	0.8140	0.8982	0.3421	0.3786	0.4980
MAF	0.001608	0.002174	0.005335	0.002326	0.001163	0.001524	0.000762	0.013514	0.013514	0.002174	0.000762	0.002326	0.002287
TPI	6.17		1.94	1.67	2.20	2.77	3.55	3.30	5.50	10.00	1.39	1.50	1.95

Tabla 83. Departamento de Norte de Santander II. Indicadores poblacionales y forenses para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, FGA, Penta D, Penta E, SE33, TH01, TPOX y vWA. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

ALELO	CSF1PO	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
6										
7										
8				0.157143						
9	0.014286			0.242857	0.139535					
9.3										
10	0.228571			0.028571	0.127907	0.011628				
11	0.214286			0.142857	0.244186	0.023256		0.062500		0.125000
12	0.528571			0.200000	0.302326	0.139535	0.085366	0.125000		
13	0.014286	0.312500		0.157143	0.162791	0.116279	0.207317	0.250000		
13.2							0.060976			
13.3										
14		0.437500		0.071429		0.186047	0.317073	0.187500		
14.2							0.012195			
15		0.187500	0.062500			0.139535	0.243902			0.312500
15.2							0.048780			
16			0.125000			0.151163	0.024390	0.125000		0.562500
16.3								0.062500		
17			0.062500			0.104651		0.062500		
17.3								0.125000		
18			0.062500			0.058140				
19			0.312500			0.034884				
20			0.187500			0.011628				
21			0.062500							
22			0.062500			0.011628				
22.2										
23			0.062500			0.011628				
24										
25										
25.2										
26										
27										
28									0.127907	
28.2										
29									0.255814	
29.2										
30									0.360465	
30.2									0.011628	
31									0.081395	
31.2									0.058140	
32										
32.2									0.081395	
33										
33.2									0.023256	
N=43										

Tabla 84. Departamento de Quindío I. Frecuencias alélicas para los loci: CSF1PO, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045.

ALELO	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentsD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	Vwa
6											0.348837		
7				0.014286	0.014286				0.250000		0.162791		
8					0.100000	0.058140					0.116279	0.500000	
9				0.042857	0.085714	0.023256					0.162791	0.044118	
9.3											0.209302		
10		0.250000		0.071429	0.285714	0.093023		0.500000				0.058824	
11		0.187500		0.471429	0.285714	0.104651		0.250000	0.250000			0.250000	
12		0.062500		0.257143	0.200000	0.093023			0.250000			0.132353	
13		0.062500		0.142857	0.028571	0.279070		0.250000	0.250000			0.014706	
13.2													
13.3		0.062500											
14		0.250000	0.127907			0.220930							0.046512
14.2													
15		0.062500	0.337209			0.116279							0.093023
15.2													
16	0.048780	0.062500	0.255814			0.011628							0.360465
16.3													
17	0.195122		0.127907							0.125000			0.255814
17.3													
18	0.060976		0.151163							0.187500			0.186047
19	0.121951						0.104651			0.125000			0.046512
20	0.073171						0.081395						0.011628
21	0.024390						0.093023						
22	0.121951						0.220930						
22.2										0.062500			
23	0.182927						0.186047						
24	0.109756						0.139535						
25	0.048780						0.093023						
25.2										0.062500			
26	0.012195						0.069767						
27							0.011628						
28													
28.2										0.125000			
29													
29.2										0.062500			
30													
30.2										0.125000			
31													
31.2										0.062500			
32													
32.2										0.062500			
33													
33.2													
N=43													

Tabla 85. Departamento de Quindío II. Frecuencias alélicas para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, FGA, PentaD, PentaE, SE33, TH01, TPOX y vWA

QUINDIO	CSF1PO	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
n	35	8	8	35	43	43	41	8	43	8
Ho	0.514286	0.875000	0.750000	0.800000	0.837209	0.860465	0.731707	1000000	0.837209	0.500000
He	0.631056	0.716667	0.883333	0.837267	0.795349	0.883721	0.792532	0.900000	0.780027	0.608333
P exact test	0.278200	0.888400	0.244200	0.404800	0.292600	0.899800	0.334400	1000000	0.139400	0.779000
PD	0.8033	0.7500	0.8750	0.9224	0.8989	0.9562	0.8652	0.8000	0.8178	0.7500
PIC	0.5690	0.6116	0.8097	0.8003	0.7566	0.8555	0.6661	0.7300	0.6189	0.4956
PE	0.1753	0.7447	0.5098	0.6531	0.6698	0.7156	0.3639	10000	0.4817	0.1875
MAF	0.014286	0.187500	0.062500	0.028571	0.127907	0.011628	0.012195	0.025000	0.011628	0.125000
TPI	0.97	4.00	2.00	2.92	3.07	3.58	1.45	-	1.88	1.00

Tabla 86. Departamento de Quindío I. Indicadores poblacionales y forenses para los loci: CSF1PO, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

QUINDIO	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	vWA
n	41	8	43	35	35	43	43	2	2	8	43	34	43
Ho	0.829268	0.625000	0.813953	0.714286	0.857143	0.837209	0.744186	1000000	1000000	1000000	0.883721	0.676471	0.813953
He	0.882867	0.875000	0.774282	0.693996	0.789648	0.837209	0.867305	0.833333	1000000	0.941667	0.777018	0.674276	0.765800
P exact te	0.250800	0.093000	0.916400	0.417200	0.825000	0.906800	0.311200	1000000	1000000	1000000	0.535400	0.888800	0.708400
PD	0.9506	0.8571	0.8989	0.8245	0.8914	0.9421	0.9540	0.5000	0.5000	-	0.7791	0.8391	0.9072
PIC	0.8598	0.7406	0.7340	0.6332	0.7412	0.8036	0.8407	0.5547	0.7031	0.3750	0.6193	0.6122	0.7326
PE	0.6544	0.2580	0.6252	0.4065	0.7663	0.7156	0.4999	10000	10000	10000	0.7728	0.3512	0.4654
MAF	0.062500	0.062500	0.127907	0.014286	0.014286	0.011628	0.011628	0.250000	0.250000	0.062500	0.209302	0.014706	0.011628
TPI	2.93	1.17	2.69	1.59	4.38	3.58	1.95	-	-	-	4.50	1.42	1.81

Tabla 87. Departamento de Quindío II. Indicadores poblacionales y forenses para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, FGA, Penta D, Penta E, SE33, TH01, TPOX y vWA. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

ALELO	CSF1PO	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
6										
7										
8				0.078947	0.008621					
9	0.013158			0.092105	0.250000					
9.3										
10	0.223684			0.105263		0.017241				0.025000
11	0.263158			0.210526	0.267241			0.025000		0.150000
11.3										
12	0.421053	0.050000		0.302632	0.224138	0.077586	0.098214	0.025000		0.025000
12.2							0.017857			
13	0.065789	0.375000		0.144737	0.120690	0.155172	0.267857	0.100000		
13.2							0.080357			
14	0.013158	0.275000		0.065789	0.043103	0.206897	0.214286	0.100000		
14.2							0.053571			
15		0.225000			0.008621	0.112069	0.098214	0.175000		0.250000
15.2							0.107143			
15.3								0.125000		
16		0.050000				0.120690	0.035714	0.100000		0.475000
16.2							0.026786			
16.3								0.100000		
17		0.025000	0.075000			0.146552		0.050000		0.025000
17.3								0.100000		
18			0.200000			0.051724				0.025000
18.3								0.100000		
19			0.300000			0.060345				
20			0.150000			0.017241				
21			0.075000			0.008621				
21.1										
22			0.050000			0.017241				
23			0.125000			0.008621				
24										
24.2										
25			0.025000							
25.2										
26										
26.2										
27									0.008621	
28									0.086207	
28.2										
29									0.241379	
29.2										
30									0.267241	
30.2									0.025862	
31									0.103448	
31.2									0.094828	
32									0.043103	
32.2									0.120690	
33										
33.2									0.008621	
34										
35										
36										
N=58										

Tabla 88. Departamento de Risaralda I. Frecuencias alélicas para los loci: CSF1PO, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045.

ALELO	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	VWA
6					0.013158						0.362069		
7				0.026316	0.013158			0.250000			0.189655	0.013158	
8				0.013158	0.144737						0.103448	0.526316	
9				0.052632	0.026316			0.250000			0.146552	0.118421	
9.3											0.189655		
10		0.325000		0.092105	0.328947	0.043103					0.008621	0.026316	
11		0.275000		0.421053	0.289474	0.103448		0.250000	0.250000			0.236842	
11.3		0.075000											
12		0.025000		0.289474	0.157895	0.112069			0.250000			0.078947	
12.2													
13		0.025000		0.105263	0.026316	0.301724		0.250000					0.008621
13.2										0.025000			
14		0.275000	0.094828			0.250000				0.025000			0.068966
14.2													
15			0.422414			0.172414			0.250000				0.206897
15.2													
15.3													
16	0.026786		0.215517			0.017241				0.150000			0.379310
16.2													
16.3													
17	0.142857		0.189655										0.189655
17.3													
18	0.017857		0.077586							0.125000			0.094828
18.3													
19	0.116071						0.043103			0.175000			0.034483
20	0.178571						0.068966			0.075000			0.017241
21	0.071429						0.146552		0.250000	0.025000			
21.1										0.025000			
22	0.133929						0.155172						
23	0.116071						0.146552						
24	0.053571						0.206897						
24.2										0.050000			
25	0.116071						0.077586						
25.2										0.025000			
26	0.017857						0.129310						
26.2										0.050000			
27	0.008929						0.017241						
28							0.008621						
28.2										0.100000			
29										0.025000			
29.2										0.050000			
30													
30.2										0.075000			
31													
31.2													
32													
32.2													
33													
33.2													
34													
35													
36													
N=58													

Tabla 89. Departamento de Risaralda II. Frecuencias alélicas para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S179, FGA, Penta D, Penta E, SE33, TH01, TPOX y vWA.

RISARALDA	CSF1PO	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
n	38	20	20	38	58	58	56	20	58	20
Ho	0.657895	0.850000	0.750000	0.815789	0.913793	0.879310	0.821429	1.000000	0.810345	0.700000
He	0.708070	0.746154	0.838462	0.823860	0.800150	0.878711	0.847490	0.912821	0.833133	0.703846
P exact test	0.591800	0.786200	0.017200	0.095400	0.191400	0.296600	0.692200	0.881000	0.250600	0.856200
PD	0.8573	0.8500	0.8900	0.9141	0.8912	0.9548	0.8633	0.8333	0.8760	0.8550
PIC	0.6468	0.6813	0.7947	0.7841	0.7623	0.8578	0.6631	0.7772	0.6970	0.6431
PE	0.3662	0.6949	0.5098	0.6287	0.8237	0.7534	0.4666	10000	0.4717	0.4283
MAF	0.013158	0.025000	0.025000	0.065789	0.008621	0.008621	0.026786	0.025000	0.008621	0.025000
TPI	1.46	3.33	2.00	2.71	5.80	4.14	1.81	-	1.83	1.67

Tabla 90. Departamento de Risaralda I. Indicadores poblacionales y forenses para los loci: CSF1PO, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

RISARALDA	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	vWA
n	56	20	58	38	38	58	58	2	2	20	58	38	58
Ho	0.928571	0.700000	0.706897	0.710526	0.868421	0.775862	0.879310	1.000000	1.000000	1.000000	0.775862	0.657895	0.741379
He	0.887870	0.755128	0.730435	0.725263	0.770526	0.798201	0.867916	1.000000	1.000000	0.921795	0.771364	0.654386	0.768666
P exact test	0.850400	0.358800	0.851400	0.477600	0.279600	0.059600	0.017400	1.000000	1.000000	0.747800	0.645000	0.149000	0.777200
PD	0.9598	0.8443	0.8841	0.8657	0.8643	0.9138	0.9405	0.5000	0.5000	0.8163	0.8444	0.8006	0.9043
PIC	0.8679	0.6433	0.6834	0.6736	0.7228	0.7611	0.8446	0.7031	0.7031	0.7261	0.6521	0.6004	0.7293
PE	0.8541	0.3512	0.4390	0.4447	0.7315	0.5550	0.7534	10000	10000	10000	0.3916	0.3662	0.4951
MAF	0.008929	0.025000	0.077586	0.013158	0.013158	0.017241	0.008621	0.250000	0.250000	0.025000	0.008621	0.013158	0.008621
TPI	7.00	1.42	1.71	1.73	3.80	2.23	4.14	-	-	-	1.54	1.46	1.93

Tabla 91. Departamento de Risaralda II. Indicadores poblacionales y forenses para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, FGA, Penta D, Penta E, SE33, TH01, TPOX y vWA. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

ALELOS	CSF1PO	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
2.2										
5										
6										
7										
8	0.006897			0.086207	0.010025					
8.3										
9	0.008621			0.139655	0.137845					
9.3										
10	0.234483	0.004167		0.068966	0.165414	0.002506	0.002674			0.008333
10.2						0.001253	0.001337			
11	0.315517	0.008333		0.220690	0.274436	0.007519	0.006684	0.029167		0.033333
11.2							0.006684			
11.3										
12	0.346552	0.025000		0.306897	0.261905	0.120301	0.052139	0.070833		0.016667
12.1										
12.2							0.006684			
13	0.074138			0.117241	0.124060	0.127820	0.256684	0.070833		0.004167
13.2							0.078877			
13.3										
14	0.008621	0.325000		0.058621	0.023810	0.160401	0.298128	0.083333		0.025000
14.1	0.001724	0.270833								
14.2							0.054813			
14.3								0.004167		
15	0.003448	0.258333	0.033333			0.139098	0.143048	0.183333		0.387500
15.2							0.037433			
15.3								0.050000		
16		0.083333	0.012500			0.111529	0.032086	0.200000		0.450000
16.2							0.020053			
16.3								0.062500		
17		0.020833	0.079167		0.001253	0.171679	0.001337	0.058333		0.066667
17.3			0.016667					0.137500		
18		0.004167	0.183333			0.067669		0.0125500		0.008333
18.2							0.001337			
18.3			0.025000					0.029167		
19			0.254167			0.042607				
19.3			0.012500					0.008333		
20			0.162500			0.028822				
20.2										
21			0.041667			0.008772				
21.2										
22			0.083333			0.006266				
22.2										
23			0.070833		0.001253	0.001253				
23.2										
24			0.012500			0.002506				
24.2									0.002506	
25			0.012500							
25.2										
26									0.001253	
26.2										
27									0.012531	
27.2										
28									0.093985	
28.2										
29									0.218045	
29.2									0.001253	
30									0.327068	
30.2									0.025063	
31									0.058897	
31.2									0.095238	
32									0.020050	
32.2									0.098997	
33									0.002506	
33.2									0.036341	
34									0.002506	
34.2									0.002506	
35										
35.2									0.001253	
36										
N=399										

Tabla 92. Departamento de Santander I. Frecuencias alélicas para los *loci*: CSF1PO, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045.

ALELOS	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	VWA
2.2								0.016667					
5									0.016667				
6													
7				0.31034	0.017241			0.033333	0.033333		0.360902	0.006897	
8				0.006897	0.118966	0.005013			0.050000		0.223058		
8.3										0.004167			
9		0.004167		0.058621	0.081034	0.005013		0.100000			0.117794	0.068966	
9.3		0.008333									0.228070		
10		0.383333		0.055172	0.274138	0.050125		0.233333	0.083333		0.006266	0.043103	
10.2													
11		0.229167		0.389655	0.287931	0.090226		0.183333	0.133333				0.305172
11.2													
11.3		0.050000											
12		0.041667	0.001253	0.284483	0.189655	0.115288		0.200000	0.166667	0.004167		0.086207	
12.1				0.001724									
12.2										0.004167			
13		0.004167	0.002506	0.165517	0.025862	0.313283		0.166667	0.116667	0.004167		0.005172	0.001253
13.2													
13.3		0.004167											
14	0.001337	0.229167	0.091479	0.006897		0.289474		0.050000	0.133333	0.033333		0.003448	0.098997
14.1		0.004167											
14.2													
14.3													
15		0.041667	0.390977			0.114035			0.050000	0.045833			0.077694
15.2													
15.3													
16	0.028075		0.249373						0.016667	0.075000			0.330827
16.2						0.017544							
16.3										0.004167			
17	0.181818		0.144110						0.033333	0.06200			0.281955
17.3							0.001253						
18	0.046791		0.114035				0.010025		0.033333	0.104167			0.154135
18.2													
18.3													
19	0.147059		0.006266				0.066416		0.050000	0.083333			0.048872
19.3													
20	0.102941						0.100251		0.083333	0.033333			0.003759
20.2							0.001253			0.004167			
21	0.037433						0.122807			0.012500			0.002506
21.2										0.012500			
22	0.106952						0.141604			0.004167			
22.2							0.003759			0.025000			
23	0.156417						0.136591			0.004167			
23.2										0.037500			
24	0.105615						0.159148						
24.2										0.029167			
25	0.074866						0.142857						
25.2										0.041667			
26	0.010695						0.090226						
26.2										0.050000			
27							0.020050						
27.2										0.041667			
28							0.003759			0.004167			
28.2										0.079167			
29													
29.2										0.070833			
30													
30.2										0.037500			
31													
31.2										0.033333			
32										0.004167			
32.2										0.029167			
33										0.004167			
33.2										0.004167			
34										0.004167			
34.2													
35										0.004167			
35.2													
36													
N=399													

Tabla 93. Departamento de Santander II. Frecuencias alélicas para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S179, FGA, Penta D, Penta E, SE33, TH01, TPOX y vWA.

SANTANDER	CSF1PO	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
n	290	120	120	290	399	399	374	120	399	120
Ho	0.703448	0.750000	0.858333	0.782759	0.809524	0.882206	0.807487	0.875000	0.844612	0.658333
He	0.720904	0.749303	0.856346	0.809630	0.794662	0.875885	0.810930	0.882427	0.812791	0.643410
P exact test	0.554200	0.138600	0.764000	0.033000	0.275600	0.273000	0.035400	0.870600	0.905800	0.352600
PD	0.8706	0.8856	0.9482	0.9361	0.9240	0.9689	0.8584	0.9308	0.8643	0.7942
PIC	0.6662	0.7028	0.8152	0.7834	0.7628	0.8614	0.6591	0.7737	0.6620	0.5752
PE	0.4320	0.5098	0.6774	0.5674	0.6168	0.7586	0.4767	0.6244	0.5338	0.3668
MAF	0.001724	0.00416	0.012500	0.058621	0.010025	0.001253	0.001337	0.004167	0.001253	0.004167
TPI	1.68	2.00	3.15	2.30	2.63	4.23	1.85	2.68	2.12	1.46

Tabla 94. Departamento de Santander I. Indicadores poblacionales y forenses para los loci: CSF1PO, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

SANTANDER	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	VWA
n	374	120	399	290	290	399	399	30	30	120	399	290	399
Ho	0.879679	0.700000	0.744361	0.762069	0.762069	0.784461	0.877193	0.800000	0.966667	0.950000	0.759398	0.648276	0.736842
He	0.878734	0.745014	0.743694	0.733566	0.785617	0.781732	0.878438	0.844068	0.912994	0.948222	0.750921	0.662486	0.770015
P exact test	0.959400	0.283000	0.575400	0.056200	0.261200	0.226200	0.761000	0.599200	0.899600	0.776200	0.158600	0.562600	0.518200
PD	0.9715	0.08672	0.8941	0.8736	0.9212	0.9171	0.9699	0.9275	0.9556	0.9379	0.8301	0.8339	0.9137
PIC	0.8651	0.6570	0.7045	0.6899	0.7523	0.7498	0.8629	0.8010	0.8890	0.8435	0.6105	0.6090	0.7346
PE	0.7541	0.3969	0.5002	0.5992	0.5353	0.5705	0.7466	0.5863	0.9324	0.7641	0.4218	0.3529	0.4853
MAF	0.001253	0.004167	0.001253	0.001724	0.017241	0.005013	0.001253	0.016667	0.016667	0.004167	0.006266	0.003448	0.001253
TPI	4.16	1.56	1.96	2.09	2.13	2.32	4.03	2.42	15.0	4.33	1.64	1.42	1.89

Tabla 95. Departamento de Santander II. Indicadores poblacionales y forenses para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, FGA, Penta D, Penta E, SE33, TH01, TPOX y vWA. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

ALELO	CSF1PO	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
2.2										
5										
6										
7	0.007042									
8	0.021127			0.112676	0.030120					
8.3										
9	0.007042			0.105634	0.234940					
9.3										
10	0.274648			0.042254	0.132530	0.024096	0.012658			0.038462
11	0.302817			0.309859	0.246988		0.025316	0.076923		0.1153885
11.3										
12	0.345070	0.076923		0.253521	0.240964	0.108434	0.088608	0.038462		
12.2							0.018987			
13	0.042254	0.43077		0.147887	0.096386	0.102410	0.139241	0.038462		
13.2							0.094937			
14		0.307692		0.028169	0.012048	0.126506	0.310127	0.153846		
14.2							18987			
14.3								0.038462		
15		0.153846	0.038462		0.006024	0.180723	0.183544	0.076923		0.307692
15.2							0.069620			
15.3								0.115385		
16		0.038462	0.076923			0.156627	0.012658	0.076923		0.269231
16.2							0.025316			
16.3								0.076923		
17			0.115385			0.132530		0.038462		0.230769
17.3								.153846		
18			0.153846			0.096386		0.038462		
18.3								0.076923		
19			0.269231			0.036145				
19.3			0.076923							
20			0.076923			0.012048				
21			0.038462			0.012048				
22			0.038462							
23			0.076923							
24			0.038462							
24.2										
25										
25.2										
26										
26.2										
27									0.024096	
27.2									0.006024	
28									0.132530	
29									0.198795	
29.2										
30									0.253012	
30.2									0.030120	
31									0.054217	
31.2									0.084337	
32									0.024096	
32.2									0.162651	
33										
33.1						0.006024				
33.2									0.030120	
34										
34.1						0.006024				
N=83										

Tabla 96. Departamento de Sucre I. Frecuencias alélicas para los loci: CSF1PO, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045.

ALELO	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	VWA
2.2								0.125000					
5								0.125000	0.125000				
6											0.319277	0.007042	
7				0.014085					0.125000		0.246988		
8				0.007042	0.084507	0.018072			0.125000		0.114458	0.500000	
8.3											0.006024		
9			0.006024	0.084507	0.063380						0.156627	0.105634	
9.3											0.156627		
10		0.269231		0.049296	0.330986	0.078313		0.500000				0.049296	
11		0.269231		0.422535	0.366197	0.030120		0.125000				0.246479	
11.3		0.038462											
12		0.192308		0.253521	0.133803	0.090361						0.084507	
12.2													
13		0.076923		0.154930	0.021127	0.277108		0.125000		0.038462		0.007042	0.012048
13.2													
14		0.153846	0.102410	0.014085		0.319277			0.375000				0.066265
14.2										0.038462			
14.3													
15			0.439759			0.126506			0.125000	0.038462			0.072289
15.2													
15.3													
16	0.056962		0.192771			0.054217				0.115385			0.331325
16.2													
16.3													
17	0.240506		0.162651			0.006024			0.125000	0.038462			0.289157
17.3													
18	0.075949		0.096386				0.012048			0.192308			0.126506
18.3													
19	0.094937									0.038462			0.078313
19.3							0.072289						
20	0.113924						0.120482			0.038462			0.024096
21	0.018987						0.114458			0.038462			
22	0.088608						0.162651						
23	0.170886						0.120482						
24	0.088608						0.126506						
24.2							0.006024			0.038462			
25	0.031646						0.132530						
25.2							0.006024			0.153846			
26	0.018987						0.096386						
26.2										0.076923			
27							0.024096						
27.2										0.076923			
28							0.006024						
29													
29.2										0.038462			
30													
30.2													
31													
31.2										0.038462			
32													
32.2													
33													
33.1													
33.2													
34													
34.1													
N=83													

Tabla 97. Departamento de Sucre II. Frecuencias alélicas para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, FGA, Penta D, Penta E, SE33, TH01, TPOX y vWA

SUCRE	CSF1PO	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
n	71	13	13	71	83	83	79	13	83	13
Ho	0.732394	0.692308	0.769231	0.788732	0.819277	0.819277	0.860759	1000000	0.831325	0.923077
He	0.716512	0.723077	0.895385	0.797023	0.802629	0.880759	0.831976	0.938462	0.844469	0.793846
P exact test	0.688400	0.367200	0.271400	0.652600	0.800000	0.110000	0.709800	1000000	0.222200	0.229400
PD	0.8558	0.8166	0.9091	0.9224	0.9220	0.9611	0.8663	0.7500	0.8275	0.7929
PIC	0.6565	0.6449	0.8309	0.7620	0.7674	0.8590	0.6818	0.7544	0.6206	0.7245
PE	0.4801	0.4165	0.4717	0.5783	0.6353	0.6268	0.6224	10000	0.4283	0.8428
MAF	0.007042	0.038462	0.038462	0.028169	0.006024	0.012048	0.012658	0.038462	0.006024	0.038462
TPI	1.87	1.63	1.83	2.37	2.77	2.70	2.67	-	1.67	6.50

Tabla 98. Departamento de Sucre I. Indicadores poblacionales y forenses para los loci: CSF1PO, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

SUCRE	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	vWA
n	79	13	83	71	71	83	83	4	4	13	83	71	83
Ho	0.911392	0.923077	0.722892	0.774648	0.746479	0.795181	0.843373	0.750000	1000000	1000000	0.771084	0.647887	0.734943
He	0.870031	0.818462	0.727565	0.728299	0.731995	0.791530	0.887842	0.785714	0.892857	0.935385	0.779555	0.673160	0.778824
P exact test	0.765600	0.769000	0.457200	0.682800	0.338800	0.028600	0.043600	0.773600	1000000	1000000	0.459400	0.131400	0.611800
PD	0.9595	0.8472	0.8829	0.8784	0.8724	0.9099	0.9617	0.6667	0.7500	0.8000	0.8556	0.8272	0.9203
PIC	0.8508	0.7372	0.6862	0.6832	0.6826	0.7579	0.8669	0.6204	0.7544	0.7482	0.6665	0.6248	0.7425
PE	0.8187	0.8296	0.4646	0.5529	0.5038	0.5901	0.6743	0.3786	10000	10000	0.5098	0.3523	0.48
MAF	0.018987	0.038462	0.006024	0.007042	0.021127	0.006024	0.006024	0.125000	0.125000	0.038462	0.006024	0.007042	0.012048
TPI	5.64	6.00	1.80	2.22	1.97	2.44	3.12	1.50	-	-	2.00	1.42	1.89

Tabla 99. Departamento de Sucre II. Indicadores poblacionales y forenses para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, FGA, Penta D, Penta E, SE33, TH01, TPOX y vWA. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

ALELO	CSF1PO	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
5										
6										
7	0.008969									
8	0.008969			0.098655	0.010239					
9	0.013453			0.192825	0.145051					
9.3										
10	0.224215			0.044843	0.215017	0.006826				
11	0.280269	0.006849		0.208520	0.235495	0.010239	0.012635	0.041096		0.047945
11.2										
11.3										
12	0.410314	0.041096		0.244395	0.238908	0.129693	0.061372	0.095890		
12.2							0.016245			
13	0.049327	0.232877		0.147982	0.139932	0.129693	0.240072	0.102740		
13.2							0.086643			
14	0.008969	0.342466		0.060538	0.013652	0.158703	0.310469	0.061644		0.027397
14.2							0.016245			
15		0.273973	0.013699		0.001706	0.122867	0.146209	0.184932		0.390411
15.2							0.041516			
15.3								0.061644		
16		0.082192	0.006849			0.134812	0.028881	0.171233		0.479459
16.2							0.021661			
16.3								0.047945		
17		0.020548	0.075342			0.165529		0.068493		0.047945
17.2										
17.3			0.020548					0.116438		
18			0.246575			0.047782				0.006849
18.3			0.020548					0.047945		
19			0.191781			0.032423				
19.3			0.006849							
20			0.191781			0.037543				
20.2										
21			0.082192			0.008532				
22			0.054795			0.010239				
22.2										
23			0.061644			0.003413				
23.2										
24			0.027397							
24.2										
25						0.001706				
25.2										
26									0.001706	
26.2										
27									0.018771	
27.2										
28									0.085324	
28.2										
29									0.175768	
29.2									0.001706	
30									0.308874	
30.2									0.030717	
31									0.068259	
31.2									0.116041	
32									0.017065	
32.2									0.105802	
33										
33.1									0.001706	
33.2									0.061433	
34										
34.2									0.003413	
35									0.003413	
N=293										

Tabla 100. Departamento de Tolima I. Frecuencias alélicas para los *loci*: CSF1PO, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045.

ALELO	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX13	VWA
5									0.138889				
6											0.377133	0.004484	
7				0.024664	0.013453				0.083333			0.257679	
8				0.002242	0.114350	0.001706		0.027778	0.027778			0.071672	0.470852
9				0.105381	0.076233	0.006826		0.166667		0.006849		0.127986	0.040359
9.3												0.160410	
10		0.376712		0.051570	0.273543	0.066553		0.250000				0.005119	0.065022
11		0.253425		0.378924	0.298206	0.064846		0.222222	0.138889			0.286996	0.001706
11.2													
11.3		0.047945											
12		0.020548		0.295964	0.206278	0.134812		0.222222	0.277778	0.006849		0.127803	
12.2													
13		0.020548	0.005119	0.127803	0.017937	0.348123		0.083333	0.083333	0.013699		0.004484	0.001706
13.2													
14		0.226027	0.102389	0.011211		0.233788			0.055556	0.020548			0.068259
14.2													
15		0.054795	0.390785			0.109215		0.027778	0.055556	0.068493			0.112628
15.2													
15.3													
16	0.034296		0.249147	0.002242		0.032423	0.001706		0.055556	0.041096			0.356655
16.2													
16.3													
17	0.205776		0.160410				0.006826			0.075342			0.242321
17.2										0.006849			
17.3													
18	0.059567		0.090444				0.017065			0.102740			0.151877
18.3													
19	0.151625		0.001706				0.058020			0.075342			0.058020
19.3													
20	0.140794						0.087031		0.027778	0.061644			0.006826
20.2							0.003413						
21	0.032491						0.107509		0.027778	0.020548			
22	0.128159						0.127986		0.027778				
22.2							0.005119			0.041096			
23	0.108303						0.133106						
23.2										0.027397			
24	0.084838						0.143345						
24.2										0.020548			
25	0.043321						0.160410						
25.2										0.047945			
26	0.005415						0.121160						
26.2										0.054795			
27	0.005415						0.018771			0.006849			
27.2										0.061644			
28							0.005119			0.006849			
28.2										0.068493			
29													
29.2										0.075342			
30							0.001706						
30.2										0.047945			
31													
31.2							0.001706			0.034247			
32													
32.2													
33													
33.1													
33.2													
34										0.006849			
34.2													
35													
N=293													

Tabla 101. Departamento de Tolima II. Frecuencias alélicas para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S179, FGA, Penta D, Penta E, SE33, TH01, TPOX y vWA.

TOLIMA	CSF1PO	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
n	223	73	73	223	293	293	277	73	293	73
Ho	0.708520	0.698630	0.808219	0.820628	0.843003	0.866894	0.787004	0.876712	0.839590	0.616438
He	0.701597	0.749646	0.850354	0.824145	0.801686	0.876911	0.810747	0.890694	0.833132	0.616533
P exact test	0.805000	0.587800	0.397200	0.433800	0.586800	0.090600	0.949200	0.045600	0.632400	0.817800
PD	0.8568	0.8925	0.9412	0.9409	0.9244	0.9673	0.8768	0.9087	0.8646	0.7855
PIC	0.6471	0.7016	0.8080	0.7982	0.7697	0.8624	0.6715	0.7752	0.6556	0.5381
PE	0.4416	0.4261	0.5767	0.6379	0.6811	0.7284	0.4308	0.6710	0.4603	0.3111
MAF	0.008969	0.006849	0.006849	0.044843	0.001706	0.001706	0.012635	0.041096	0.001706	0.006849
TPI	1.72	1.66	2.36	2.79	3.18	3.76	1.68	3.08	1.79	1.30

Tabla 102. Departamento de Tolima I. Indicadores poblacionales y forenses para los loci: CSF1PO, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

TOLIMA	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	vWA
n	277	73	293	223	223	293	293	18	18	73	293	223	293
Ho	0.898917	0.753425	0.730375	0.775785	0.780269	0.832765	0.880546	0.888889	0.777778	0.931507	0.740614	0.695067	0.750853
He	0.873352	0.741710	0.742055	0.739638	0.776047	0.785654	0.883189	0.825397	0.882540	0.947284	0.745369	0.675215	0.771564
P exact test	0.894400	0.951400	0.714800	0.802000	0.746000	0.489600	0.069200	928800	0.159000	0.206800	0.766000	0.255200	0.380600
PD	0.9672	0.8613	0.8913	0.8885	0.9096	0.9244	0.9688	0.9012	0.9259	0.9198	0.8345	0.8239	0.9113
PIC	0.8585	0.6634	0.7016	0.6980	0.7389	0.7552	0.8671	0.7731	0.8447	0.8620	0.6152	0.6235	0.7378
PE	0.7932	0.4717	0.4768	0.5549	0.5629	0.6601	0.7508	0.7728	0.5585	0.7728	0.3488	0.4207	0.5112
MAF	0.005415	0.020548	0.001706	0.002242	0.017937	0.001706	0.001706	0.027778	0.027778	0.006849	0.005119	0.004484	0.001706
TPI	4.95	1.83	1.85	2.23	2.28	2.98	4.10	4.50	2.25	4.50	1.41	1.64	2.010.

Tabla 103. Departamento de Tolima II. Indicadores poblacionales y forenses para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, FGA, Penta D, Penta E, SE33, TH01, TPOX y vWA. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

ALELO	CSF1PO	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
2.2										
3.2										
5					0.000963					
6										
6.1										
7	0.022599			0.001412						
8	0.015537			0.083333	0.016378					
8.2										
9	0.021186			0.149718	0.176301					
9.1										
9.3										
10	0.255650			0.055085	0.132948	0.002890		0.005780		0.005780
11	0.234463	0.008671		0.213277	0.277457	0.012524	0.023305	0.043353		0.083815
11.2							0.002119			
11.3										
12	0.381356	0.043353		0.285311	0.243738	0.083815	0.082627	0.104046		0.020231
12.2							0.013771			
12.3										
13	0.057910	0.236994		0.141243	0.120424	0.090559	0.235169	0.086705		0.005780
13.2							0.000963	0.098517		
14	0.008475	0.367052		0.069209	0.031792	0.160886	0.252119	0.144509		0.034682
14.2							0.030720			
15	0.002825	0.260116	0.034682	0.001412		0.156069	0.141949	0.153179		0.384393
15.2						0.000963	0.061441			
15.3								0.052023		
16		0.078035	0.054913			0.143545	0.032839	0.138728		0.384393
16.2							0.018008	0.063584		
16.3										
17		0.005780	0.089595			0.174374	0.004237	0.054913		0.069364
17.2							0.001059			
17.3			0.028902					0.109827		
18			0.225434			0.075145	0.001059	0.002890		0.011561
18.2										
18.3			0.008671					0.034682		
19			0.225434			0.045279				
19.3			0.014451					0.002890		
19.2										
20			0.150289			0.026975				
20.2										
20.3								0.002890		
21			0.054913			0.014451				
21.1										
21.2										
22			0.052023			0.009634				
22.1										
22.2										
22.3										
23			0.037572			0.000963				
23.2										
24			0.014451			0.000963				
24.1										
24.2									0.000963	
24.3			0.008671							
25										
25.2										
26									0.001927	
26.2									0.024085	
27										
27.2									0.116570	
28										
28.2									0.227360	
29										
29.2									0.254335	
30									0.026975	
30.2									0.077071	
31									0.068401	
31.2									0.021195	
32									0.121387	
32.2									0.002890	
33									0.043353	
33.2									0.002890	
34									0.003854	
34.2									0.005780	
35									0.000963	
36										
N=519										

Tabla 104. Departamento de Valle del Cauca I. Frecuencias alélicas para los *loci*: CSF1PO, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045.

ALELO	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	VWA
2.2								0.010204					
3.2								0.010204					
5								0.010204	0.051020		0.000963		
6					0.004237						0.350674	0.026836	
6.1											0.002890		
7				0.022599	0.005650			0.010204	0.091837		0.257225	0.008475	
8				0.026836	0.148305	0.009634		0.030612	0.051020		0.112717	0.468927	
8.2													
9				0.064972	0.093220	0.004817		0.234694	0.020408		0.138728	0.091808	
9.1			0.000963										
9.3											0.127168		
10		0.332370		0.074859	0.265537	0.046243		0.183673	0.091837		0.008671	0.049435	
11		0.346821	0.000963	0.409605	0.281073	0.061657		0.193878	0.081633			0.247175	
11.2													
11.3		0.028902											
12		0.043353	0.003854	0.250000	0.168079	0.126204		0.102041	0.102041			0.104520	
12.2													
12.3		0.002890											
13		0.023121	0.004817	0.141243	0.031073	0.312139		0.112245	0.142857	0.002890		0.001412	0.003854
13.2										0.002890			
14		0.202312	0.090559	0.008475	0.002825	0.266859		0.061224	0.122449	0.011561		0.001412	0.053950
14.2										0.002890			
15	0.001059	0.017341	0.393064	0.001412		0.134875		0.020408	0.091837	0.043353			0.125241
15.2													
15.3													
16	0.040254	0.002890	0.252408			0.032755		0.010204	0.030612	0.080925			0.347784
16.2							0.000963						
16.3													
17	0.169492		0.148362			0.004817	0.000963		0.030612	0.089595			0.235067
17.2													
17.3													
18	0.062500		0.099229				0.006744	0.010204		0.104046			0.161850
18.2							0.002890						
18.3													
19	0.158898		0.005780				0.075145		0.020408	0.098266			0.058767
19.3													
19.2													
20	0.131356						0.088632		0.051020	0.037572			0.010597
20.2										0.002890			
20.3													
21	0.044492						0.104046		0.010204	0.023121			0.002890
21.1													
21.2													
22	0.126059						0.121387			0.005780			
22.1										0.005780			
22.2										0.002890			
22.3							0.001927			0.008671			
23	0.114407						0.141618		0.010204	0.002890			
23.2	0.001059						0.000963			0.023121			
24	0.077331						0.164740						
24.1							0.001927						
24.2										0.040462			
24.3	0.060381						0.158960						
25										0.049133			
25.2	0.009534						0.088632						
26										0.086705			
26.2	0.003178						0.026975						
27										0.049133			
27.2							0.004817						
28										0.092486			
28.2							0.001927			0.002890			
29										0.054913			
29.2													
30													
30.2										0.046243			
31							0.001927			0.014451			
31.2													
32							0.000963			0.002890			
32.2													
33													
33.2										0.005780			
34													
34.2													
35													
36													
N=519													

Tabla 105. Departamento de Valle del Cauca II. Frecuencias alélicas para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, FGA, Penta D, Penta E, SE33, TH01, TPOX y vWA.

VALLE DEL CAUCA	CSF1PO	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
n	354	173	173	354	519	519	472	173	519	173
Ho	0.742938	0.739884	0.820809	0.774011	0.786127	0.865125	0.855932	0.878613	0.843931	0.710983
He	0.730636	0.735495	0.857468	0.817127	0.799841	0.875469	0.838457	0.895686	0.841783	0.692837
P exact test	0.954800	0.609600	0.228200	0.533000	0.612400	0.958800	0.229400	0.441600	0.926200	0.042000
PD	0.8777	0.8779	0.9530	0.9418	0.9293	0.9709	0.8984	0.9478	0.8911	0.8328
PIC	0.6849	0.6882	0.8216	0.7918	0.7696	0.8610	0.7203	0.8191	0.7064	0.6390
PE	0.4978	0.4926	0.6014	0.5517	0.5736	0.7238	0.5471	0.7001	0.5268	0.4455
MAF	0.002825	0.005780	0.008671	0.001412	0.000963	0.000963	0.001059	0.002890	0.000963	0.005780
TPI	1.95	1.92	2.52	2.21	2.34	3.69	2.19	3.39	2.080.68	1.73

Tabla 106. Departamento de Valle del Cauca I. Indicadores poblacionales y forenses para los loci: CSF1PO, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

VALLE DEL CAUCA	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	vWA
n	472	173	519	354	354	519	519	49	49	173	519	354	519
Ho	0.872881	0.710983	0.724470	0.734463	0.810734	0.799615	0.876686	0.918367	0.979592	0.907514	0.761079	0.686441	0.737958
He	0.883490	0.726849	0.742374	0.739689	0.791648	0.790847	0.880640	0.853566	0.920892	0.934992	0.763390	0.697404	0.776157
P exact test	0.319600	0.019800	0.083000	0.692600	0.145200	0.613600	0.953000	0.204600	0.882540	0.947284	0.745369	0.675215	0.771564
PD	0.9730	0.8537	0.8933	0.8935	0.9270	0.9554	0.9709	0.9325	0.9629	0.9490	0.8628	0.8600	0.9162
PIC	0.8708	0.6537	0.7031	0.7028	0.7627	0.7612	0.8632	0.8159	0.9047	0.8242	0.6564	0.6565	0.7446
PE	0.7399	0.4150	0.4663	0.4836	0.5823	0.5983	0.7407	0.8259	0.9588	0.6483	0.4346	0.4076	0.5283
MAF	0.001059	0.002890	0.000963	0.001412	0.002825	0.004817	0.000963	0.010204	0.010204	0.002890	0.000963	0.001412	0.002890
TPI	3.93	1.62	1.81	1.88	2.39	2.50	3.94	5.88	24.50	2.88	1.69	1.59	2.09

Tabla 107. Departamento de Valle del Cauca II. Indicadores poblacionales y forenses para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, FGA, Penta D, Penta E, SE33, TH01, TPOX y vWA. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

6.4 COLOMBIA POR REGIONES

Colombia fue dividida en cuatro regiones: región Andina, región Caribe, región Pacífico y Región de la Orinoquia y la Amazonia.

6.4.1 REGIÓN ANDINA

Se encuentra constituida por los departamentos de Antioquia, Boyacá, Caldas, Cundinamarca, Huila, Norte de Santander, Quindío, Risaralda, Santander, Tolima y Bogotá. Para esta región se analizaron 6.191 participantes.

6.4.1.1 Parámetros Estadísticos Poblacionales: Frecuencias Alélicas, Heterocigosidad Observada (H_o), Heterocigosidad Esperada (H_e) y Equilibrio de Hardy Weinberg

El alelo 8 en TPOX fue el de mayor frecuencia en esta región (0.471072); el *locus* con mayor heterocigosidad observada (H_o) y el más polimórfico fue SE33 con un número total de 53 alelos observados (Tabla 109, 110 y 111). Los *loci* que presentaron desequilibrio de Hardy-Weinberg fueron: CSF1PO, TH01, D3S317, D16S539, D18S51, D19S433, D21S11, D7S820 Y FGA, dado por un valor de $p < 0.05$ (P exact test) (Tabla 110 y 111).

6.4.1.2 Parámetros Estadísticos Forenses: Contenido de Información Polimórfica (PIC), Poder de Discriminación (PD), Poder de Exclusión (PE) Índice Típico de Paternidad (TPI)

El *locus* que presentó el mayor poder de discriminación (PD), de contenido de información polimórfica (PIC), poder de exclusión (PE) e índice típico de paternidad fue Penta E (Tabla 110 y 111). D18S51 y FGA fueron los *loci* con mayor PD después de Penta E.

ALELO	CSF1PO	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
2.2										
4										
5										
6										
6.1										
6.3										
7	0.003993			0.000242	0.000090					
8	0.005203			0.094506	0.009125					
8.3										
9	0.015247			0.165416	0.138688	0.000632	0.000098			
9.1										
9.3					0.000090					
10	0.222289	0.000675		0.065828	0.169317	0.005963	0.000686	0.002026		0.001688
10.1										
10.2						0.000181	0.000294			
10.3	0.000121									
11	0.292231	0.004051		0.204380	0.260661	0.007951	0.005388	0.027009		0.047265
11.1										
11.2						0.000090	0.010188			
11.3										
12	0.384197	0.029034		0.280131	0.266805	0.114293	0.064557	0.083727		0.013842
12.1										
12.2								0.010874		
12.3										
13	0.067038	0.273126		0.119555	0.134261	0.116372	0.230212	0.097569		0.002026
13.2						0.000090	0.096297			0.000338
13.3										
14	0.007744	0.364956	0.000338	0.068127	0.019967	0.170853	0.272727	0.105672		0.019919
14.1	0.000605									
14.2						0.000090	0.037716			
14.3								0.002363		
15	0.001210	0.227887	0.016880	0.001452	0.000632	0.140314	0.168103	0.160702		0.374409
15.2						0.000090	0.049471	0.001350		
15.3								0.034436		
16		0.082714	0.024308	0.000121		0.134171	0.035364	0.182984		0.467927
16.2							0.013715	0.000338		
16.3								0.041526		
17		0.015530	0.079338		0.000090	0.155403	0.001861	0.061783		0.063471
17.2							0.001371			
17.3			0.019581					0.152262		
18		0.002026	0.225861			0.059451	0.000196	0.005064		0.008778
18.1			0.000338							
18.2							0.000686			
18.3			0.013842					0.035449		
19			0.220459			0.040296				0.000338
19.2										
19.3			0.010466					0.004051		
20			0.178596			0.030900				
20.1			0.000675							
20.2										
20.3			0.000338					0.001688		
21			0.067860			0.008945				
21.1										
21.2										
22			0.054355			0.008583				
22.2										
22.3			0.000338							
23			0.057731			0.002891				
23.2									0.000090	
24			0.017556			0.001717				
24.2									0.000361	
25			0.008778			0.000271			0.000452	
25.1										
25.2										
26			0.002363			0.000090			0.001898	
26.2									0.000813	
27									0.015905	
27.2										
28									0.093891	
28.2									0.000090	
29									0.203597	
29.2									0.000904	
29.3									0.000090	
30									0.307880	
30.2									0.023947	
31									0.062986	
31.2									0.090999	
32									0.021327	
32.2									0.122809	
33									0.001898	
33.1									0.000090	
33.2									0.044280	
34									0.000633	
34.2									0.003434	
35									0.001265	
35.2									0.000181	
36										
37										
38										
43.2										
45.2										
N= 6191										

Tabla 108. Región Andina I. Frecuencias alélicas para los loci: CSF1PO, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045.

ALELO	D2S1338	D2S441	D3S51358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	VWA
2.2								0.009636					
4									0.001071		0.000361		
5									0.043897		0.000904	0.000121	
6					0.000847				0.001071		0.374322	0.003994	
6.1											0.000271		
6.3										0.001014	0.000181		
7				0.031462	0.015005	0.000090		0.005353	0.073876		0.239248	0.001210	
8				0.004840	0.104913	0.007228		0.020343	0.026767	0.000676	0.069751	0.471072	
8.3										0.001014	0.000090		
9		0.003376		0.082527	0.079622	0.009216		0.170236	0.006424	0.000338	0.125949	0.062092	
9.1					0.000242								
9.3		0.000675									0.181605		
10		0.3996354		0.056510	0.268514	0.064330		0.205567	0.057816		0.006686	0.047930	
10.1					0.000242								
10.2													
10.3					0.000121						0.000271		
11		0.258609		0.412754	0.298161	0.078605		0.199143	0.095289	0.000676		0.295086	0.000994
11.1					0.000121								
11.2													
11.3		0.044564											
12		0.029372	0.000904	0.281220	0.191796	0.131731		0.163812	0.175589	0.002027		0.112685	0.000452
12.1				0.000121									
12.2										0.002365			
12.3		0.001013			0.000121								
13		0.014180	0.002891	0.120765	0.034245	0.325714		0.158458	0.084582	0.006081		0.004841	0.001084
13.2			0.000090							0.001014			
13.3		0.002701								0.000338			
14	0.000294	0.216745	0.089989	0.008955	0.005566	0.241868		0.050321	0.085653	0.027703		0.000726	0.071196
14.1		0.000338											
14.2										0.000676			
14.3													
15	0.000196	0.031060	0.385707	0.000242	0.000242	0.114745		0.010707	0.105996	0.050000		0.000242	0.090170
15.2										0.000338			
15.3										0.000338			
16	0.034189	0.001013	0.273943	0.000121		0.024575	0.000090	0.004283	0.050321	0.069257		0.343603	
16.2										0.000676			
16.3										0.000338			
17	0.191125		0.138869			0.000994	0.002168		0.043897	0.076351	0.000181	0.268160	
17.2										0.003041			
17.3													
18	0.050745		0.099024			0.000361	0.008493		0.027837	0.106419		0.168684	
18.1													
18.2							0.000181						
18.3													
19	0.164087		0.008312			0.000271	0.061709		0.035332	0.098311		0.047344	
19.2							0.000271			0.001014			
19.3													
20	0.123531		0.000271				0.089537		0.034261	0.042230		0.007138	
20.1													
20.2							0.001897			0.003378			
20.3													
21	0.031544						0.118540		0.021413	0.020608		0.000904	
21.1										0.000338			
21.2							0.000813			0.010811			
22	0.107269						0.130376		0.012848	0.006419		0.000090	
22.2	0.000098						0.003433			0.022297			
22.3													
23	0.151940						0.122877		0.002141	0.002027			
23.2							0.000452			0.022973			
24	0.077586						0.170220		0.005353	0.001014			
24.2										0.029392			
25	0.056818						0.164438						
25.1									0.001071				
25.2										0.052027			
26	0.008523						0.095681			0.000338			
26.2							0.000090			0.050338			
27	0.001861						0.022136			0.000338			
27.2										0.064189			
28							0.004427			0.001689			
28.2										0.071284			
29							0.001175			0.000676			
29.2										0.061149			
29.3													
30							0.000090						
30.2							0.000181			0.045608			
31													
31.2							0.000271			0.021622			
32										0.000338			
32.2										0.007432			
33										0.001689			
33.1													
33.2										0.002703			
34										0.004392			
34.2										0.000338			
35										0.001689			
35.2													
36										0.000676			
37													
38													
43.2							0.000090						
45.2							0.000090						
N= 6191													

TABLA 109. Región Andina II. Frecuencias alélicas para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S179, FGA, Penta D, Penta E, SE33, TH01, TPOX y vWA.

REGION ANDINA	CSF1PO	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
n	4.132	1481	1481	4.132	5,534	5.534	5.104	1.481	5.533	1.481
Ho	0.704501	0.727887	0.839298	0.815102	0.797073	0.870076	0.812500	0.879811	0.822881	0.648211
He	0.712836	0.732577	0.849636	0.820291	0.794531	0.876066	0.825438	0.881339	0.824422	0.634141
P exact test	0.001200	0.068200	0.088800	0.034800	0.025000	0.014000	0.041600	0.130800	0.004400	0.832000
PD	0.8719	0.8912	0.9316	0.9441	0.9298	0.9690	0.8850	0.9298	0.8616	0.7361
PIC	0.6802	0.6999	0.8036	0.7952	0.7695	0.8602	0.6900	0.7695	0.6492	0.5367
PE	0.4667	0.4999	0.6244	0.6187	0.5551	0.7674	0.4837	0.5551	0.4231	0.4092
MAF	0.000121	0.000675	0.000338	0.000242	0.000090	0.000090	0.000098	0.000338	0.000090	0.000338
TPI	1.81	1.95	2.68	2.64	2.23	4.40	1.88	2.23	1.65	1.60

Tabla 110. Región Andina I. Indicadores poblacionales y forenses para los loci: CSF1PO, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact-test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC= contenido de información polimórfica, PE= poder de exclusión, MAF= frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

REGION ANDINA	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	Vwa
n	5.104	1.481	5.534	4.132	4.132	5.534	5.534	467	467	1.480	5.534	4.131	5.534
Ho	0.864028	0.721810	0.722082	0.721684	0.785818	0.783701	0.872786	0.856531	0.910064	0.937838	0.741959	0.663036	0.760029
He	0.872717	0.725255	0.738986	0.724955	0.783533	0.793903	0.876332	0.834849	0.915499	0.940279	0.748956	0.672205	0.766146
P exact test	0.231600	0.169000	0.199400	0.093600	0.018000	0.088600	0.039200	0.134000	0.005200	0.156000	0.000000	0.081600	0.308800
PD	0.9692	0.8539	0.8912	0.8898	0.9217	0.9347	0.9688	0.9400	0.9717	0.9404	0.8513	0.8451	0.9062
PIC	0.8601	0.6482	0.7023	0.6900	0.7550	0.7726	0.8594	0.8034	0.8961	0.8341	0.6352	0.6233	0.7286
PE	0.7578	0.4469	0.4942	0.4910	0.5912	0.5492	0.7724	0.6899	0.8639	0.6531	0.3501	0.4074	0.5363
MAF	0.000098	0.000338	0.000090	0.004840	0.000121	0.000090	0.000090	0.005353	0.001071	0.000338	0.000271	0.000121	0.000090
TPI	4.22	1.74	1.93	1.92	2.45	2.20	4.49	3.28	7.50	2.92	1.41	1.59	2.13

Tabla 111. Región Andina II. Indicadores poblacionales y forenses para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, FGA, Penta D, Penta E, SE33, TH01, TPOX y vWA. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact-test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC= contenido de información polimórfica, PE= poder de exclusión, MAF= frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

6.4.2 REGIÓN CARIBE

Se encuentra constituida por los departamentos de Atlántico, Bolívar, Cesar, Córdoba y Sucre; en el presente estudio se analizaron 1.286 participantes.

6.4.2.1 Parámetros Estadísticos Poblacionales: Frecuencias Alélicas, Heterocigosidad Observada (H_o), Heterocigosidad Esperada (H_e) y Equilibrio de Hardy Weinberg

El alelo 8 en TPOX fue el alelo que alcanzó la mayor frecuencia en esta región (0.427772). El *locus* más polimórfico fue SE33 con 41 alelos observados (Tabla 113). D3S1358, D13S317 y D19S433 mostraron desequilibrio de Hardy-Weinberg, dado por un valor de $p < 0.05$ (P exact test) (Tabla 115).

6.4.2.2 Parámetros Estadísticos Forenses: Contenido de Información Polimórfica (PIC), Poder de Discriminación (PD), Poder de Exclusión (PE) Índice Típico de Paternidad (TPI)

El *locus* que presentó el mayor PD fue D18S51, el mayor PIC e índice típico de paternidad fue para Penta E (Tabla 114 y 115).

ALELO	CSF1PO	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
2.2										
4										
5					0.001555					
6										
7	0.013423									
7.3	0.000559									
8	0.021812			0.090604	0.016330					0.001220
8.3										
9	0.015660	0.001220		0.141499	0.166019	0.000778				
9.3										
10	0.240492	0.001220		0.055928	0.136081	0.012053	0.007031	0.009756		0.008537
10.1					0.000389					
10.2						0.000389				
10.3	0.001119									
11	0.285235	0.006098		0.230984	0.279938	0.010109	0.026882	0.045122		0.070732
11.2							0.002481			
11.3										
12	0.360738	0.048780		0.304251	0.251166	0.104199	0.082299	0.089024		0.017073
12.2							0.015715			
12.3										
13	0.050336	0.257317		0.116331	0.131026	0.102644	0.211332	0.082927		0.004878
13.3										
13.2						0.002333	0.084781			
14	0.008949	0.365854		0.057606	0.016330	0.159798	0.275434	0.125610		0.028049
14.2						0.000389	0.043011			
14.3								0.009756		
15	0.001678	0.202439	0.037805	0.002796	0.001166	0.148911	0.140612	0.163415		0.367073
15.2						0.000389	0.053763			
15.3								0.040244		
16		0.085366	0.043902			0.128694	0.026882	0.151220		0.396341
16.2						0.000389	0.023987			
16.3								0.068293		
17		0.029268	0.114634			0.153188	0.003309	0.045122		0.101220
17.2							0.002481			
17.3			0.006098					0.123171		
18		0.002439	0.229268			0.073484		0.002439		0.004878
18.2										
18.3			0.017073					0.035366		
19			0.191463			0.049378		0.001220		
19.1			0.001220							
19.2										
19.3			0.010976					0.007317		
20			0.174390			0.026439				
20.2										
20.3			0.002439							
21			0.056098			0.012830				
21.1										
21.2						0.000389				
22			0.041463			0.004666				
22.2										
22.3										
23			0.040244			0.003110				
23.2										
23.3										
24			0.013415			0.003110				
24.2									0.001167	
24.3									0.000778	
25			0.018293			0.000778				
25.2									0.000778	
25.3										
26			0.001220						0.000778	
26.2										
27									0.030350	
27.2									0.000389	
28									0.121401	
28.2									0.000389	
28.3									0.000389	
29									0.212062	
29.2									0.000389	
30						0.000389			0.259533	
30.1						0.000389				
30.2									0.021401	
30.3									0.000389	
31									0.070039	
31.2									0.074319	
32									0.022957	
32.2									0.127237	
33									0.003502	
33.1						0.000389			0.000389	
33.2									0.033852	
34									0.001946	
34.1						0.000389				
34.2									0.006615	
35									0.005447	
35.1									0.000778	
35.2									0.000778	
36									0.001556	
37									0.000389	
43.2										
44.2										
45.2										
46.2										
N= 1286										

Tabla 112. Región Caribe I. Frecuencias alélicas para los loci: CSF1PO, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045.

ALELO	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	VWA
2.2													
4													
5								0.016667	0.072222		0.000389		
6					0.001678						0.001555		
7				0.038591	0.009508			0.022222	0.111111		0.300933	0.017917	
7.3											0.258554	0.005039	
8				0.024609	0.134787	0.004666		0.033333	0.061111	0.001222	0.121695	0.427772	
8.3			0.000389								0.000389		
9		0.001220	0.000778	0.040268	0.085570	0.004666		0.155556		0.001222	0.141913	0.116461	
9.3											0.164075		
10		0.318293		0.053132	0.269016	0.057543		0.205556	0.083333		0.010498	0.052072	
10.1		0.001220											
10.2													
10.3													
11		0.306098		0.372483	0.289709	0.073872		0.183333	0.094444			0.289474	0.001555
11.2										0.001222			
11.3		0.043902											
12		0.064634	0.000778	0.312640	0.173937	0.152022		0.144444	0.122222	0.003667		0.090146	0.000389
12.2										0.004890			
12.3		0.002439											
13		0.013415	0.004277	0.144295	0.032438	0.284215		0.138889	0.088889	0.207820		0.001120	0.004277
13.3		0.002439											
13.2													
14	0.000414	0.217073	0.096034	0.013982	0.003356	0.247278		0.050000	0.088889	0.001222			0.069596
14.2										0.033007			
14.3										0.002445			
15	0.000827	0.026829	0.382193			0.136081		0.016667	0.111111	0.047677			0.108087
15.2													
15.3													
16	0.031844	0.002439	0.274106			0.033437		0.005556	0.027778	0.074572			0.326983
16.2										0.001222			
16.3													
17	0.189413		0.150078			0.006221	0.003891		0.038889	0.092910			0.277605
17.2							0.000389						
17.3													
18	0.067825		0.084759				0.005058		0.033333	0.092910			0.140747
18.2							0.005058			0.001222			
18.3													
19	0.144334		0.005443				0.084825		0.016667	0.092910			0.057154
19.1													
19.2							0.000778			0.003667			
19.3													
20	0.100496		0.001166				0.087549		0.044444	0.052567			0.012053
20.2							0.001167			0.006112			
20.3													
21	0.045492						0.135798			0.041565			0.001166
21.1										0.001222			
21.2							0.000389			0.013447			
22	0.093466						0.149027		0.005556	0.008557			0.000389
22.2							0.001946			0.014670			
22.3							0.000778						
23	0.165012						0.124903						
23.2	0.000414						0.000389			0.018337			
23.3							0.000389						
24	0.087676						0.150584			0.003667			
24.2	0.000414						0.000778			0.023227			
24.3	0.000414												
25	0.052523						0.120623						
25.2							0.000389			0.044010			
25.3							0.000389						
26	0.016129						0.085214						
26.2										0.061125			
27	0.003309						0.023735			0.044010			
27.2													
28							0.007004			0.059902			
28.2													
28.3													
29							0.002335			0.039120			
29.2							0.000389						
30							0.001167						
30.1													
30.2							0.000778			0.041565			
30.3													
31													
31.2										0.024450			
32										0.001222			
32.2										0.004890			
33										0.002445			
33.1													
33.2										0.006112			
34										0.004890			
34.1													
34.2													
35										0.003667			
35.1													
35.2													
36													
37													
43.2							0.000389						
44.2							0.000389						
45.2							0.000389						
46.2							0.000389						
N= 1286													

Tabla 113. Región Caribe II. Frecuencias alélicas para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S179, FGA, Penta D, Penta E, SE33, TH01, TPOX y vWA.

REGION CARIBE	CSF1PO	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
n	894	410	410	894	1286	1286	1209	419	1285	410
Ho	0.723714	0.751220	0.836585	0.799776	0.783826	0.867030	0.832093	0.880488	0.838132	0.682927
He	0.727560	0.749302	0.857456	0.806311	0.795074	0.882213	0.839008	0.893910	0.843495	0.692567
P exact test	0.292800	0.079200	0.053400	0.026000	0.148600	0.175200	0.011400	0.581800	0.744600	0.407000
PD	0.8756	0.8850	0.8719	0.9350	0.9232	0.9726	0.8948	0.9477	0.8966	0.8553
PIC	0.6765	0.6997	0.6749	0.7824	0.7593	0.8685	0.7060	0.8124	0.7030	0.6384
PE	0.4673	0.4663	0.4886	0.6157	0.6003	0.7575	0.4610	0.6121	0.4939	0.3330
MAF	0.000559	0.001220	0.001220	0.002796	0.000389	0.000389	0.002481	0.002439	0.000389	0.001220
TPI	1.82	1.81	1.90	2.62	2.51	4.21	1.79	2.59	1.93	1.36

Tabla 114. Región Caribe I. Indicadores Poblacionales y Forenses para los loci: CSF1PO, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad

REGION CARIBE	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	VWA
n	1209	410	1286	894	894	1286	1285	90	90	409	1286	893	1286
Ho	0.885029	0.756098	0.716952	0.736018	0.777405	0.790047	0.883268	0.844444	0.966667	0.948655	0.779938	0.688690	0.769829
He	0.879188	0.751764	0.740102	0.736368	0.787239	0.806792	0.884017	0.859094	0.919181	0.944786	0.780910	0.708865	0.776549
P exact test	0.644000	0.522800	0.000200	0.801000	0.742800	0.141600	0.449600	0.196400	0.919200	0.359800	0.416200	0.309600	0.371800
PD	0.9708	0.8724	0.8952	0.8851	0.9224	0.9380	0.9720	0.9366	0.9627	0.9616	0.8667	0.8802	0.9175
PIC	0.8616	0.6735	0.7000	0.6875	0.7559	0.7829	0.8707	0.8235	0.9018	0.8609	0.6740	0.6775	0.7497
PE	0.7720	0.4621	0.4131	0.4887	0.5475	0.5672	0.7747	0.6623	0.9530	0.7580	0.5157	0.3977	0.5885
MAF	0.000414	0.001220	0.000389	0.013982	0.003356	0.004666	0.000389	0.005556	0.027778	0.001222	0.000389	0.001120	0.000389
TPI	4.48	1.79	1.61	1.91	2.19	2.30	4.54	3.00	21.50	4.22	2.03	1.56	2.43

Tabla 115. Región Caribe II. Indicadores Poblacionales y Forenses para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, FGA, Penta D, Penta E, SE33, TH01, TPOX y vWA. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

6.4.3 REGIÓN PACÍFICA

Se encuentra constituida por los departamentos de Cauca, Choco, Valle Del Cauca y Nariño. En el presente estudio se analizaron 998 participantes.

6.4.3.1 Parámetros Estadísticos Poblacionales: Frecuencias Alélicas, Heterocigosidad Observada (H_o), Heterocigosidad Esperada (H_e) y Equilibrio de Hardy Weinberg

El alelo 8 en TPOX fue el alelo que alcanzó la mayor frecuencia en esta región (0.480878). El *locus* más polimórfico fue SE33 con un número total de 34 alelos observados (Tabla 117). Los siguientes loci presentaron desequilibrio de Hardy-Weinberg: D19S433, D22S1045, D3S1358 y Vwa dado por un valor de $p < 0.05$ (P exact test) (Tabla 118).

6.4.3.2 Parámetros Estadísticos Forenses: Contenido de Información Polimórfica (PIC), Poder de Discriminación (PD), Poder de Exclusión (PE) Índice Típico de Paternidad (TPI)

El *locus* que presentó el mayor poder de discriminación (PD) fue D2S1338, el mayor contenido de información polimórfica (PIC), poder de exclusión (PE) e índice típico de paternidad fue Penta E (Tabla 119).

ALELO	CSF1PO	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
2.2										
3.2										
5					0.000501					
5.3										
6										
6.1										
7	0.020538			0.000708			0.000538			
8	0.013456			0.068697	0.013026					
8.2							0.001075			
9	0.018414			0.167847	0.157816					
9.1										
9.3										
10	0.262748			0.050283	0.159820	0.004008	0.001613	0.003322		0.011628
10.2							0.001075			
11	0.242210	0.009967		0.203258	0.281563	0.010020	0.022043	0.038206	0.000501	0.071429
11.2							0.002688			
11.3										
12	0.366147	0.044850		0.283286	0.250000	0.076653	0.071505	0.074751		0.018272
12.2							0.012903			
12.3							0.000538			
13	0.066572	0.265781		0.151558	0.114228	0.081162	0.218817	0.136213		0.009967
13.2						0.000501	0.106452			
14	0.008499	0.350498		0.073654	0.022044	0.182866	0.255914	0.127907	0.000501	0.031561
14.2							0.032796	0.003322		
14.3								0.001661		
15	0.001416	0.240864	0.036545	0.000708		0.157816	0.148387	0.149502		0.367110
15.2						0.000501	0.065591	0.003322		
15.3								0.036545		
16		0.071429	0.046512			0.148798	0.034946	0.137874		0.408638
16.2							0.017742	0.003322		
16.3								0.053156		
17		0.014950	0.083056			0.162325	0.003226	0.063123		0.069767
17.1			0.001661							
17.2							0.001075			
17.3			0.021595					0.126246		
18		0.001661	0.205980			0.080160	0.001075	0.003322		0.011628
18.2										
18.3			0.011628					0.031561		
19			0.227575			0.045090		0.001661		
19.2										
19.3			0.011628					0.003322		
20			0.167774			0.024549				
20.2										
20.3								0.001661		
21			0.063123			0.013527				
21.1										
21.2										
22			0.059801			0.010521				
22.2										
22.1										
22.3										
23			0.048173			0.001002				
23.2										
24			0.009967			0.000501				
24.1										
24.2										
24.3									0.001002	
25			0.004983							
25.2										
26										
26.2									0.001002	
27					0.000501				0.020541	
27.2										
28					0.000501				0.106212	
28.2										
29									0.225451	
29.2										
30									0.256012	
30.2									0.021042	
31									0.065631	
31.2									0.086673	
32									0.017034	
32.2									0.134770	
33									0.002505	
33.2									0.048597	
34									0.002004	
34.2									0.003006	
35									0.005511	
36									0.001503	
43.2										
49.2										
N=998										

Tabla 116. Región Pacífica I. Frecuencias alélicas para los *loci*: CSF1PO, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045.

ALELO	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	VWA
2.2								0.013889					
3.2								0.006944					
5								0.013889	0.034722				
5.3											0.000502		
6					0.002128						0.344880	0.019830	
6.1											0.001506		
7	0.000538			0.033286	0.004965			0.013889	0.097222		0.283133	0.006374	
8				0.020538	0.119149	0.006513		0.048611	0.062500		0.107430	0.480878	
8.2													
9				0.082861	0.090071	0.005511		0.215278	0.027778		0.109438	0.081445	
9.1			0.000501										
9.3	0.000538										0.142570		
10		0.367110		0.069405	0.278723	0.057114		0.173611	0.076389		0.009538	0.046034	
10.2													
11		0.300664	0.000501	0.412890	0.283688	0.074148		0.194444	0.076389			0.251416	0.000501
11.2													
11.3		0.023256											
12		0.044850	0.003507	0.247875	0.180142	0.137275		0.11111111	0.097222	0.003322		0.110482	
12.2										0.003322			
12.3		0.003322											
13		0.024917	0.005511	0.120397	0.034752	0.318136		0.125000	0.131944	0.001661		0.002833	0.002505
13.2										0.003322			
14		0.210963	0.083166	0.011331	0.006383	0.247495		0.048611	0.083333	0.014950		0.000708	0.048597
14.2										0.003322			
14.3													
15	0.000538	0.023256	0.418337	0.001416		0.120240		0.020833	0.118056	0.038206			0.109218
15.2													
15.3													
16	0.033871	0.001661	0.245491			0.029058		0.006944	0.027778	0.069767			0.359218
16.2							0.000501						
16.3													
17	0.180108		0.148297			0.004008	0.004008		0.041667	0.081395			0.270040
17.1													
17.2													
17.3													
18	0.056989		0.088677			0.000501	0.007014	0.006944	0.013889	0.111296			0.146794
18.2							0.003507						
18.3													
19	0.189785		0.005511				0.067635		0.027778	0.099668			0.052104
19.2							0.000501						
19.3													
20	0.118280		0.000501				0.080160		0.625000	0.046512			0.008517
20.2										0.003322			
20.3													
21	0.478490						0.094188		0.006944	0.018272			0.002505
21.1									0.001661	0.001661			
21.2							0.000501			0.011628			
22	0.106452						0.129760			0.009967			
22.2							0.002004			0.009967			
22.1										0.001661			
22.3							0.000501			0.001661			
23	0.132796						0.147295		0.006944	0.001661			
23.2	0.000538						0.000501			0.016611			
24	0.074194						0.158818						
24.1							0.001002						
24.2													
24.3										0.033223			
25	0.047312						0.158317						
25.2										0.048173			
26	0.008602						0.101202						
26.2										0.088040			
27	0.001613						0.031062			0.001661			
27.2										0.064784			
28							0.006513						
28.2										0.094684			
29							0.001503			0.001661			
29.2										0.048173			
30							0.001002						
30.2										0.038206			
31													
31.2							0.001002			0.016611			
32													
32.2							0.000501			0.008306			
33													
33.2													
34										0.003322			
34.2													
35													
36													
43.2							0.000501						
49.2							0.000501						
N=998													

Tabla 117. Región Pacífica II. Frecuencias alélicas para los *loci*: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, FGA, Penta D, Penta E, SE33, TH01, TPOX y vWA.

REGION PACIFICO	CSF1PO	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
n	706	301	301	706	998	998	930	301	998	301
Ho	0.723796	0.730897	0.810631	0.784703	0.769539	0.858717	0.832258	0.850498	0.848697	0.697674
He	0.733305	0.742290	0.857917	0.815196	0.794468	0.871665	0.841024	0.893008	0.839215	0.687719
P exact test	0.454600	0.303400	0.327800	0.088400	0.170400	0.749800	0.001200	0.066000	0.575000	0.009200
PD	0.8825	0.8905	0.9542	0.9420	0.9244	0.9678	0.8993	0.9287	0.8489	0.8328
PIC	0.6878	0.7004	0.8206	0.7939	0.7551	0.8539	0.7159	0.7775	0.6689	0.6390
PE	0.4492	0.4717	0.5392	0.5462	0.5141	0.6967	0.4514	0.4386	0.4932	0.4455
MAF	0.001416	0.001661	0.001661	0.000708	0.000501	0.000501	0.005380	0.003322	0.000501	0.009967
TPI	1.74	1.83	2.15	2.18	2.02	3.35	1.75	1.70	1.92	1.73

Tabla 118. Región Pacífica I. Indicadores Poblacionales y Forenses para los loci: CSF1PO, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

REGION PACIFICO	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	VWA
n	930	301	998	706	705	998	998	72	72	301	TH01	706	998
Ho	0.874194	0.681063	0.708417	0.742210	0.773050	0.794589	0.877756	0.930556	0.972222	0.916944	0.742972	0.671388	0.734469
He	0.874551	0.727807	0.728247	0.740766	0.786354	0.794938	0.880411	0.857809	0.924145	0.934401	0.757336	0.684630	0.759782
P exact test	0.104200	0.053200	0.026800	0.459600	0.325800	0.487600	0.983600	0.489400	0.197200	0.937400	0.178600	0.006200	0.001800
PD	0.9726	0.8707	0.8800	0.8952	0.9205	0.9321	0.9716	0.9325	0.9511	0.9102	0.8358	0.8468	0.8937
PIC	0.8699	0.6579	0.6815	0.7084	0.7412	0.7729	0.8649	0.8264	0.8967	0.7694	0.6117	0.6350	0.7060
PE	0.7421	0.3350	0.4363	0.5032	0.4434	0.5702	0.7464	0.8800	0.9324	0.7447	0.3439	0.3909	0.4760
MAF	0.000538	0.001661	0.000501	0.001416	0.002128	0.000501	0.000501	0.006944	0.006944	0.001661	0.000502	0.000708	0.000501
TPI	3.96	1.37	1.70	1.97	1.72	2.32	4.03	8.50	15.00	4.00	1.40	1.54	1.85

Tabla 119. Región Pacífica II. Indicadores Poblacionales y Forenses para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, FGA, Penta D, Penta E, SE33, TH01, TPOX y vWA. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

6.4.4 REGIÓN DE LA ORINOQUÍA Y AMAZONIA

Se encuentra constituida por los departamentos de Amazonas, Arauca, Casanare, Caquetá, Guainía, Guaviare, Meta, Putumayo, Vaupés y Vichada. En el presente estudio se analizaron 1.135 participantes.

6.4.4.1 Parámetros Estadísticos Poblacionales: Frecuencias Alélicas, Heterocigosidad Observada (H_o), Heterocigosidad Esperada (H_e) y Equilibrio de Hardy Weinberg

El *locus* que obtuvo la mayor H_o fue Penta E seguido por SE 33, todos los *loci* estuvieron en equilibrio de Hardy Weinberg (Tabla 123).

6.4.4.2 Parámetros Estadísticos Forenses: Contenido de Información Polimórfica (PIC), Poder de Discriminación (PD), Poder de Exclusión (PE) Índice Típico de Paternidad (TPI)

El *locus* D18S51 seguido por FGA obtuvo el mayor PD, Penta E y SE 33 alcanzaron el mayor PE. Por otro lado, el mayor PIC lo obtuvo D2S1338 (Tabla 122 y 123).

ALELO	CSF1PO	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
2.2										
5										
6										
6.1										
7	0.007264									
7.1				0.000605						
8	0.006053			0.088378	0.009692					0.001577
9	0.012107			0.170097	0.151982	0.000881	0.000475			
9.3										
10	0.242131	0.003155		0.071429	0.182819	0.006608	0.000475			0.001577
10.2							0.000951			
10.3										
11	0.273608	0.006309		0.201574	0.252423	0.011013	0.008555	0.018927		0.056782
11.2							0.010456			
11.3										
12	0.381961	0.036278		0.254237	0.262996	0.101322	0.069392	0.074132		0.011041
12.2							0.011407			
12.3										
13	0.069007	0.250789		0.138015	0.123348	0.104846	0.228612	0.123028		
13.2						0.001322	0.105038			
13.3										
14	0.007264	0.365931		0.073850	0.015419	0.186344	0.261882	0.115142		0.017350
14.2							0.032319	0.001577		
14.3								0.001577		
15	0.000605	0.264984	0.020505	0.001816	0.001322	0.125110	0.163973	0.1608883		0.375394
15.2						0.000441	0.051806			
15.3								0.037855		
16		0.048896	0.023659			0.139207	0.029943	0.168770		0.466877
16.2							0.017110	0.001577		
16.3								0.042587		
17		0.018927	0.050473			0.160532		0.052050		0.063091
17.2										
17.3			0.007886				0.002376	0.143533		
18		0.004732	0.228707			0.062996		0.004732		0.006309
18.2										
18.3			0.009464					0.048896		
19			0.228707			0.044934		0.001577		
19.3			0.012618					0.003155		
20			0.225552			0.028194				
20.1			0.001577							
20.2						0.000441				
21			0.070978			0.014097				
21.2										
22			0.047319			0.007048				
22.2										
23			0.056782			0.003965				
23.2										
24			0.009464			0.000441				
24.2									0.000441	
25			0.003155			0.000441				
25.2									0.000441	
26			0.003155						0.001322	
26.2										
27									0.014097	
27.2										
28									0.089427	
28.2										
29									0.209692	
29.2									0.000441	
30									0.295154	
30.2									0.021586	
31									0.058150	
31.2									0.087665	
32									0.020705	
32.2									0.129515	
33									0.001762	
33.1									0.000441	
33.2									0.060793	
34									0.000881	
34.2									0.003965	
35									0.003084	
36									0.000441	
N=1135										

Tabla 120. Región de la Orinoquía y Amazonia I. Frecuencias alélicas para los loci: CSF1PO, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045.

ALELO	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	Penta D	Penta E	SE 33	TH01	TPOX	vWA
2.2								0.005814					
5									0.087209				
6											0.381938	0.004237	
6.1											0.000441		
7				0.038741	0.008485				0.069767		0.250220	0.001816	
7.1													
8				0.004843	0.097576	0.010573		0.011628	0.034884		0.073568	0.496973	
9		0.001577		0.088378	0.073939	0.005727		0.151163			0.114537	0.057506	
9.3											0.173568		
10		0.369085		0.056901	0.280000	0.061674		0.273256	0.058140	0.001582	0.005286	0.046005	
10.2										0.001582			
10.3											0.000441		
11		0.287066		0.406174	0.327273	0.074890		0.180233	0.058140			0.275424	0.001322
11.2													
11.3		0.041009											
12		0.039432	0.000441	0.276029	0.181212	0.124670		0.168605	0.191860			0.113801	0.000441
12.2										0.001582			
12.3		0.001577											
13		0.014196	0.004846	0.123487	0.026061	0.332599		0.145349	0.093023	0.011076		0.003632	0.002643
13.2										0.001582			
13.3		0.006309											
14		0.201893	0.096916	0.005448	0.005455	0.246696		0.052326	0.069767	0.025316			0.063436
14.2													
14.3													
15		0.034700	0.394714			0.117621		0.005814	0.075581	0.045886		0.000605	0.074890
15.2													
15.3													
16	0.024240	0.003155	0.269604			0.022907		0.005814	0.069767	0.071203			0.366960
16.2			0.000441										
16.3													
17	0.211502		0.141410			0.002203	0.003524		0.040698	0.096519			0.292511
17.2													
17.3													
18	0.057034		0.081938				0.010573		0.046512	0.126582			0.146696
18.2							0.000441						
18.3													
19	0.161597		0.009692				0.057269		0.046512	0.085443			0.045815
19.3													
20	0.134981					0.000441	0.087665		0.034884	0.034810			0.003965
20.1													
20.2							0.000881						
21	0.027091						0.114097		0.011628	0.020570			0.001322
21.2							0.000881			0.009494			
22	0.105989						0.124229		0.005814	0.007911			
22.2							0.002643			0.025316			
23	0.142586						0.123789		0.005814	0.001582			
23.2	0.000475									0.015823			
24	0.068916						0.166079						
24.2							0.000441			0.041139			
25	0.053232						0.176652						
25.2										0.041139			
26	0.009506						0.096476						
26.2										0.071203			
27	0.002376						0.026872						
27.2										0.056962			
28							0.004846						
28.2										0.074367			
29							0.002643						
29.2										0.049051			
30													
30.2										0.045886			
31													
31.2										0.018987			
32													
32.2													
33													
33.1													
33.2													
34										0.003165			
34.2													
35										0.001582			
36													
N= 1135													

Tabla 121. Región de la Orinoquía y Amazonia II. Frecuencias alélicas para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, FGA, Penta D, Penta E, SE33, TH01, TPOX y vWA.

REGION DE LA AMAZONIA Y LA ORINOQUIA	CSF1PO	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045
n	826	317	317	826	1135	1135	1052	317	1135	317
Ho	0.715999	0.738170	0.842271	0.825666	0.797357	0.872247	0.833650	0.880126	0.833480	0.605678
He	0.682809	0.729997	0.831372	0.828882	0.795397	0.876445	0.831549	0.883789	0.828619	0.634433
P exact test	0.305000	0.712600	0.676600	0.353400	0.755800	0.491800	0.142600	0.783800	0.542800	0.524600
PD	0.8429	0.7864	0.7755	0.9153	0.9091	0.9586	0.8984	0.8595	0.8669	0.7750
PIC	0.6374	0.6326	0.6530	0.7758	0.7646	0.8468	0.7246	0.6938	0.6894	0.5734
PE	0.3394	0.4216	0.6168	0.5375	0.5672	0.6764	0.3220	0.6332	0.5585	0.4216
MAF	0.031250	0.045455	0.045455	0.046875	0.011628	0.011628	0.013514	0.045455	0.011628	0.181818
TPI	1.38	1.64	2.63	2.14	2.30	3.14	1.33	2.75	2.25	1.64

Tabla 122. Región de la Orinoquía y Amazonia I. Indicadores Poblacionales y Forenses para los loci: CSF1PO, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11 y D22S1045. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

REGION DE LA AMAZONIA Y LA ORINOQUIA	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	VWA
n	1052	317	1135	826	825	1.135	1.135	86	86	316	1135	826	1135
Ho	0.870722	0.772871	0.7568828	0.734867	0.755152	0.792070	0.878414	0.848837	0.965116	0.958861	0.732159	0.652542	0.752423
He	0.867528	0.737074	0.735618	0.731422	0.766350	0.789403	0.876665	0.822249	0.916565	0.936067	0.743155	0.659149	0.746829
P exact test	0.396000	0.006000	0.835400	0.841600	0.195200	0.101600	0.955000	0.236200	0.535800	0.171600	0.908000	0.664000	0.131600
PD	0.9483	0.7846	0.8628	0.8402	0.9126	0.8973	0.9554	0.8395	0.8642	0.8000	0.7465	0.7623	0.8740
PIC	0.8488	0.62110	0.6575	0.6307	0.7438	0.7331	0.8479	0.7271	0.8214	0.7446	0.5157	0.5219	0.7287
PE	0.7615	0.6168	0.3997	0.5756	0.5756	0.5413	0.6434	0.3786	10.000	10000	0.3495	0.2858	0.4614
MAF	0.027027	0.045455	0.058140	0.031250	0.031250	0.011628	0.011628	0.083333	0.083333	0.045455	0.046512	0.015625	0.011628
TPI	4.29	2.63	1.57	2.35	2.35	2.16	2.83	1.50	1.51	1.30	1.41	1.24	1.79

Tabla 123. Región de la Orinoquía y Amazonia II. Indicadores Poblacionales y Forenses para los loci: D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, FGA, Penta D, Penta E, SE33, TH01, TPOX y vWA. Ho= heterocigosidad observada, He= heterocigosidad esperada, P exact test para equilibrio de Hardy Weinberg, PD= poder de discriminación, PIC=contenido de información polimórfica, PE=poder de exclusión, MAF=frecuencia alélica mínima, TPI= índice típico de paternidad.

ANALISIS DE LA ESTRUCTURA GENETICA DE LA POBLACION COLOMBIANA

Se realizo el análisis de la población colombiana, entendiendo a Colombia como una unidad mediante el programa Structure v 2.3.4, en la figura se evidencian cuatro poblaciones que representan grupos genéticamente diferenciados, posteriormente con el programa Structure Harvester Web v0.6.9, se estima el valor delta K, valor que mejor representa los subgrupos encontrados en la población general.

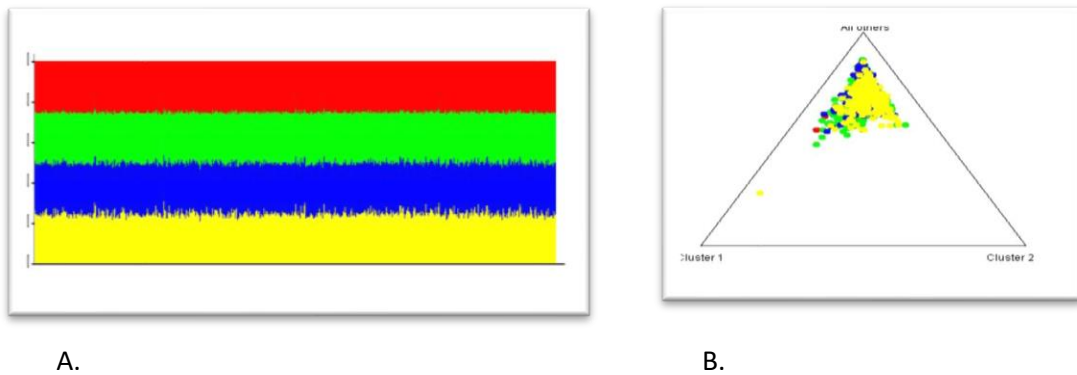


Figura 6. A. Estructura poblacional de Colombia, las barras representan agrupaciones o poblaciones K que se identifican con colores y representan grupos genéticamente diferenciados, al igual la figura B evidencia los grupos ya mencionados y además se puede ver un grupo predominante (STRUCTURE v2.3.4).

STRUCTURE HARVESTER
Web v0.6.9., mediante el
método de Evanno et al.
(2005), que determina el
valor Delta K

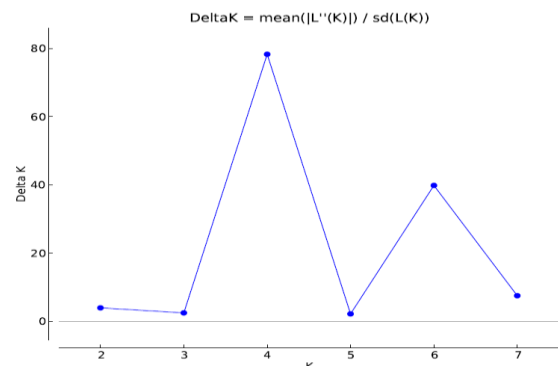


Figura 7. Valor Delta-K=4 para Colombia, valor que corresponde al número de grupos genéticamente diferenciados que se hallan en la población total analizada (Structure Harvester v0.6.9).

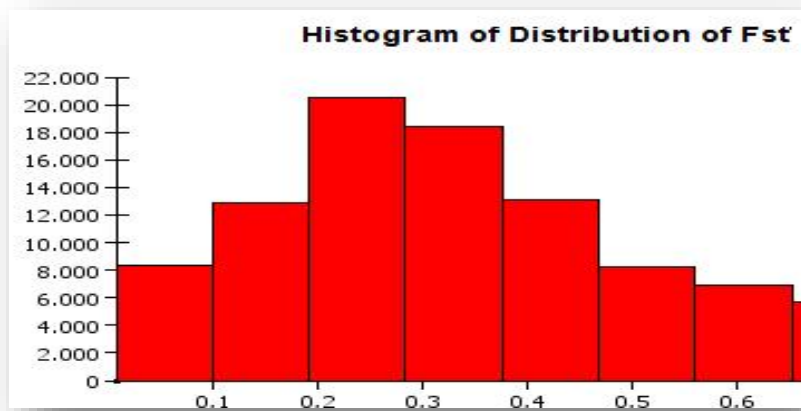


Figura 8. Histograma de distribución del Fst encontrado al analizar a Colombia de manera global, el pico de datos se encuentra entre 0.2 a 0.3, hallazgo concordante con el valor esperado para poblaciones divergentes.

7. DISCUSIÓN

La identificación humana, la filiación y la paternidad biológica son actividades de gran importancia social y biológica que requieren de herramientas sofisticadas de análisis para la demostración inequívoca de haber alcanzado valores altos de concordancia o eficiencia en las estimaciones matemáticas necesarias para determinar lo uno o lo otro. La identificación humana, por su parte, exige la demostración de que la biología corresponda con la de quien está implicado en un evento criminal, mientras que la paternidad biológica siempre ha sido un tema controversial y la sociedad procura su reconocimiento por el papel fundamental que posee en el establecimiento de la familia, principal pilar de la sociedad.

Hasta el año de 1.900 Karl Landsteiner identificó el grupo sanguíneo ABO el cual se aplicó inicialmente en transfusiones y luego en la determinación de la paternidad, comparando el grupo sanguíneo del presunto padre, la madre y el hijo (Albrecht, 2003). Este sistema se utilizó legalmente por primera vez en 1924, en Alemania, y se legalizó en los Estados Unidos de América en 1937 (Dean 2005); luego, se caracterizaron muchos otros grupos sanguíneos, los cuales también se comenzaron a aplicar en la identificación y la filiación humana, tales como el sistema Rh. Tanto el grupo sanguíneo ABO, el Rh y los demás sistemas genéticos como Kell -Celano, Duffy, Kidd, MNSs y Sanger, permitieron en ese entonces solamente establecer con certeza la exclusión de la paternidad (Elleman, 1979). A partir de 1930 se identificaron otras proteínas en la superficie de los eritrocitos y proteínas del suero, las cuales presentaban bi o multialelismo y segregación mendeliana que también se utilizaron en la identificación y la filiación humanas; con la adición de estos nuevos sistemas genéticos, se incrementó la probabilidad de exclusión (PE) a valores cercanos al 65%, con los cuales se pudo excluir la mayoría de los casos de personas que no son los progenitores de un descendiente, pero era una combinación de sistemas genéticos aún insuficiente para excluir a todos los progenitores falsos y menos aún para demostrar la relación filial (Becker 2013).

En 1970, se identificaron una serie de antígenos presentes en la superficie de los leucocitos y otras células, exceptuando a los eritrocitos, que constituyeron el complejo mayor de

histocompatibilidad (HMC), cuyos antígenos se denominaron antígenos leucocitarios humanos (HLA) (Bertaina & Andreani, 2018). El HMC se localiza en el brazo corto del cromosoma 6, en la región 6p21.31 y son los *loci* más polimórficos del genoma humano. El HMC posee más de 200 genes y existen más de 100 alelos diferentes para cada *locus* ((Bertaina & Andreani, 2018).

El sistema HLA posee un rol crucial en el reconocimiento inmunológico y en la señalización entre células del sistema inmunitario dirigiendo así los procesos de aceptación o rechazo de trasplante e injerto; además posee características que lo hacen ideal para estudios poblacionales, dado que muchos de los genes que lo componen son altamente polimórficos y presentan diferencias valorables de frecuencias alélicas entre grupos humanos, siguiendo un patrón de herencia mendeliana. Este conjunto de genes se encuentra alineado en una región grande y continua del genoma con estrecho ligamiento, el cual se hereda en forma de haplotipo. No obstante ser un sistema multigénico y altamente polimórfico y el hecho de localizarse en una sola región del genoma es la razón por la cual no se utiliza actualmente en identificación humana, dada la probabilidad de que familiares entre sí, implicados en una filiación, compartan los haplotipos de este sistema (Choo et al., 2007).

En 1980, se inició el uso de métodos de análisis basados en la molécula de ADN, métodos que surgieron por la propiedad que tiene la variación genética normal de ofrecer un mayor nivel de polimorfismo (múltiples alelos) en cada *locus*. Los primeros métodos empleados fueron los fragmentos de restricción de longitud polimórfica (RFLPs) que originaban varios alelos de distinta longitud, seguidos por las secuencias repetitivas en el ADN tales como minisatélites y microsatélites, además de los polimorfismos de nucleótido único (SNPs) y las inserciones-delecciones (Indels) (Mittal 2013).

En Colombia hasta la década de los años 1960s, para la identificación y la filiación humanas se utilizaban los testimonios de las personas y la demostración del supuesto trato sexual entre el presunto padre y la madre para la identificación y el establecimiento de la relación filial; con el avance del conocimiento científico, la ley 75 de 1968 incluyó la realización de exámenes biológicos en los casos de investigación de la paternidad y la maternidad, fundamentalmente mediante el análisis de los grupos sanguíneos. A partir de ese entonces, se ordenaba la peritación antropoheredobiologica con el análisis de los grupos sanguíneos,

es decir la determinación de la hemoclasificación (Mojica, 2004). Posteriormente se implementaron las pruebas de HLA, pero no de manera sistemática en todos los casos, sino en los casos “problema”, con lo cual se perdió durante muchos años la oportunidad de mejorar la eficiencia que podían haber alcanzado las pruebas de identificación humana y filiación. En los años 1990s en Colombia se realizaron varios estudios poblacionales en los cuales se describió la diversidad génica y la marcada restricción alélica en poblaciones amerindias (Bernal 2013).

A partir del año 2001 fue obligatorio dirimir los casos de filiación mediante pruebas genéticas en el ADN: el acuerdo 1.224 del 27 de junio del año 2001 permitió a los juzgados de familia la ejecución de la prueba genética a través del Instituto Colombiano de Bienestar Familiar o de laboratorios designados por este. Luego, en el año 2001 y mediante la ley 721, se introdujo una modificación a la ley 75 de 1968, mediante la cual se ordenó la práctica de los exámenes de filiación por parte de laboratorios legalmente autorizados y certificados que estaban obligados a alcanzar, cuando menos, una probabilidad de paternidad superior al 99.9% y una probabilidad algo menor, esto es del 99%, en aquellos casos en los que estaba ausente la madre (Guerrero 2010). A partir del año 2001 se introdujeron, por primera vez, criterios de calidad y eficiencia en los resultados de las pruebas de identificación y filiación humanas, con lo cual fue necesario establecer para nuestra población estadísticos poblacionales y forenses para poder medir la eficiencia que alcanzan los resultados de los peritajes biológicos con la molécula del ADN.

A partir del año 1990, en el mundo y más o menos por la misma época, en Colombia, se han venido utilizando microsátélites que son también conocidos como repeticiones cortas en tándem (del inglés *short tandem repeats* o STRs), los cuales son secuencias genómicas que contienen un motivo repetido un número variable de veces. Además de ser usados ampliamente en la determinación de la filiación, los STRs han sido empleados en estudios de ligamiento, de evolución, de ancestría y en la identificación humana, ya que presentan alto grado de polimorfismo, facilidad de amplificación y análisis, al contener fragmentos de tamaño reducido, lo cual permite su uso ante ADN degradado o con cantidad límite, situación que es común en la investigación forense (Chistiakov 2006).

El CODIS es un sistema de identificación genómica creado por el FBI (*Federal Bureau of Investigations*) en los Estados Unidos de América, que se ha aceptado como estándar mundial para la identificación humana. Con el CODIS se estableció el NDIS (*National DNA Index System*), sistema a través del cual se recopila y almacena información genética de personas con interés judicial, particularmente de individuos involucrados en actos criminales y en casos forenses (Hares, 2012). Se encuentra compuesto por un núcleo de 20 *loci* microsatélites, aprobados desde el 1 de enero del año 2017 estos son: CSF1PO, FGA, TH01, TPOX, vWA, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, D13S317, D16S539, D18S5 y D21S11 y los recientemente adicionados: D1S1656, D2S441, D2S1338, D10S1248, D12S391, D19S433 and D22S1045) (Hares, 2015). Por otro lado, el sistema europeo denominado European Standard Set (ESS), contiene los *loci*: FGA, TH01, vWA, D1S1656, D2S441, D3S1358, D8S1179, D10S1248, D12S391, D18S51, D21S11 y D22S1045 (Dognaux, S. *et al.*, 2011).

Si bien existen publicados varios estudios de la población colombiana para STRs, estos se han concentrado en algunas regiones y/o departamentos del país (Acosta 2002; Paredes 2003; Rey 2003; Yunis 2005), los resultados obtenidos en el presente trabajo han sido comparados con los datos generados por otros autores que han publicado estudios similares en la población colombiana en las diferentes regiones y departamentos. Los estudios publicados hasta el momento corresponden a la población de Antioquia, Atlántico, Bogotá, Boyacá, Casanare, Cesar, Choco, Cundinamarca, La Guajira, Magdalena, Meta, Nariño, Norte de Santander, Santander y Tolima (Acosta, M. A, 2002., Bravo, M. L. J, 2004., Paredes, M. *et al.*, 2003., Yunis 2005., Sánchez-Diz, P. *et al.*).

No obstante, si bien el presente estudio se puede decir que es el más comprensivo y amplio en cuanto al tamaño muestral analizado, en general los resultados de las frecuencias alélicas observadas en el presente estudio por departamentos son similares a las observadas en otros estudios previos, exceptuando las frecuencias alélicas para nuevos STRs incluidos en el CODIS y para algunos otros microsatélites como se señalara en los siguientes párrafos, además del análisis global de Colombia, como un todo.

El *locus* más polimórfico observado en el presente estudio es precisamente SE33, que alcanzo una heterocigosidad mayor a 0.95; si bien un trabajo previo informó indicadores genético-poblacionales para una muestra pequeña de 200 personas de Bogotá y Boyacá para el *locus* SE33 (Rey, 2009), el presente estudio supera más de diez veces la población para las mismas regiones y adiciona las frecuencias alélicas, genotípicas e indicadores poblacionales y forenses para casi todos los departamentos del país.

El departamento de Antioquia ha sido ampliamente estudiado, no solo con microsatélites autosómicos, sino también con microsatélites localizados en cromosomas sexuales, polimorfismos de nucleótido único (SNPs) y otras fuentes de ADN como ADN mitocondrial e inserciones-deleciones específicas del cromosoma X (Indels) (Ibarra 2015). En el 2.004 se analizaron 12 *loci* autosómicos: CSF1PO, TH01, TPOX, vWA01, D5S818, D7S820, D13S317, D16S539 FES/FPS, F13A1, F13B y LPL en 256 individuos (Bravo 2004), respecto del presente trabajo solo son comparables los resultados para los *loci*: CSF1PO, TH01, TPOX, D5S818, D7S820 y D16S539, encontrándose en ambos estudios al alelo 8 en TPOX como el alelo más frecuente, con una frecuencia superior al 0.50. El mismo hallazgo fue descrito en otro trabajo en el 2006 en una muestra de 563 individuos (Palacio 2006).

Con respecto al departamento de Boyacá, en el año 2.002 se publicaron estadísticos poblacionales y forenses de los *loci*: D3S1358, vWA, FGA, TH01, TPOX, CSF1PO, D5S818, D13S317 Y D7S820, el alelo que presento la mayor frecuencia fue el alelo 8 en TPOX , el *locus* más polimórfico y con mayor heterocigosidad observada fue el SE33 y el mayor PD lo obtuvo el locus D18S51, otro trabajo en el año 2005, reporto que el *locus* Penta E, presentó la mayor Ho, el mayor PD y PE (Yunis, 2005), resultados similares al presente trabajo. En el año 2009 se publicaron estadísticos de 5 *loci* microsatélites: D2S1338, D19S433, PentaD, Penta E y SE-33, aunque los resultados no son comparables ya que en ese estudio se analizó de manera conjunta el departamento de Boyacá y Bogotá, ambos estudios reportan una frecuencia del alelo 8 en TPOX superior al 0.4500. En el presente trabajo es el más frecuente después del alelo 16 en D22S1045, el cual obtuvo una frecuencia de 0.477157. En ambos trabajos, el *locus* SE33, es el más polimórfico y el *locus* Penta E es el *locus* que obtiene la mayor Ho y el mayor PD y PE (Rey 2009) (Tabla 34, 35, 38 y 39).

Respecto a Bogotá, un trabajo del año 2001 reportó estadísticas poblacionales y forenses en 200 individuos, el alelo más frecuente fue el 8 en TPOX, y el *locus* D13S317 obtuvo la mayor H_o , el mayor PD y PE (Bravo, 2001). En el año 2005, otro estudio poblacional en la ciudad de Bogotá con una muestra de 2.601 individuos reportó que el *locus* Penta E presentó la mayor H_o , el mayor PD y PE (Yunis 2005), al igual que en el presente trabajo, excepto porque el *locus* con mayor H_o fue SE33, seguido por Penta E (Tabla 38 y 39).

En el mismo año un trabajo público parámetros estadísticos y forenses en 8.170 individuos provenientes de los departamentos de Atlántico, la capital de Bogotá, Boyacá, Casanare, Cesar, Cundinamarca, La Guajira, Magdalena, Meta, Nariño, Norte de Santander, Santander y Tolima, en este estudio Penta E fue el *locus* más polimórfico, con mayor PD, PE y PIC. En el presente trabajo el *locus* SE33 fue el *locus* más polimórfico en Bogotá, Cundinamarca Nariño, Norte de Santander y Tolima (Tabla 19, 37, 77, 81 y 101), Penta E fue el *locus* más polimórfico en el departamento de Atlántico, Cesar, La Guajira y Santander (Tabla 25, 49, 69 y 93) El *locus* con mayor PD fue D18S51 en el departamento del Atlántico, Cesar, Cundinamarca, La Guajira, Magdalena, Nariño y Norte de Santander (Tabla 27, 50, 62,70, 74, 78 y 82) En Bogotá, el *locus* con mayor PD fue Penta E, *locus* que obtuvo el mayor PE en Atlántico, Bogotá, Cesar, La Guajira y Santander. En los departamentos de Cundinamarca y Nariño fue el *locus* Penta D el cual obtuvo el mayor PE (Tabla 19).

En el año 2006, 12 microsatélites fueron evaluados en 90 individuos procedentes del departamento del Choco, el *locus* con mayor heterocigosidad fue FESFPS, el alelo que obtuvo la mayor frecuencia fue 8 en TPOX, el mayor Poder de Discriminación fue el *locus* D16S539 y el *locus* D5S818 obtuvo el mayor Poder de Exclusión. En el presente trabajo el *locus* más polimórfico fue SE33, el mayor Poder de Discriminación lo obtuvo el *locus* D18S51 y el mayor Poder de Exclusión lo obtuvo el *locus* Penta D y Penta E (Tabla 19).

Al analizar a Colombia por regiones, los resultados fueron comparados con uno de los trabajos que al igual agrupa los datos en regiones y brinda una de las bases de datos más completas del país (Paredes, 2003). En ambos trabajos en la región Caribe, Pacífica y la región comprendida por la Amazonia y la Orinoquia, FGA fue el *locus* que obtuvo uno de los mayores valores para PD y PE, después del *locus* Penta E analizado en el presente estudio

(Tabla 115 y 119). En la región de la Amazonia y la Orinoquia fue el *locus* Penta E seguido por SE33 los *loci* con mayor heterocigosidad y mayor poder de exclusión (Tabla 123).

Respecto al análisis de la estructura genética de la población colombiana, se evidenciaron cuatro grupos genéticamente diferenciados, los cuales podrían corresponder a los grupos étnicos predominantes: mestizos, afrodescendientes, indígenas y caucásicos. Aunque el proceso de mestizaje que se inició en la época de la colonia fue el principal fenómeno que dio origen a los subgrupos identificados en la población, la migración interna intradepartamental es hoy el fenómeno principal responsable de la subestructura poblacional actual, causada por múltiples factores entre ellos el conflicto armado y la búsqueda de nuevas oportunidades laborales, que han promovido el flujo de habitantes de los municipios a las grandes ciudades (Dane 2003), con una posterior invasión territorial por otros grupos, creando así nuevos núcleos poblacionales. En el presente trabajo, la principal causa del desequilibrio de Hardy Weinberg observado en algunos loci, fue el bajo tamaño muestral en algunos departamentos, y en otras divisiones políticas y regiones que contaron con una muestra poblacional adecuada la principal causa fue el desequilibrio de ligamiento que se genera de manera típica en poblaciones mixtas por la presencia de bloques haplotipos ancestrales (Koch, Ristroph, and Kirkpatrick 2013).

En resumen, en el presente trabajo se analizó la población colombiana de manera global, por regiones y por departamentos, sin que exista previamente un análisis similar con tanta extensión y tamaño muestral, se obtuvo una de las bases de datos más extensas y completas del país, alcanzando una muestra de 14.099 individuos en total, que pertenecen a 22 departamentos (Antioquia, Atlántico, Bogotá, Bolívar, Boyacá, Caldas, Cauca, Cesar, Choco, Córdoba, Cundinamarca, Huila, La Guajira, Magdalena Nariño, Norte de Santander, Quindío, Risaralda, Santander, Sucre, Tolima y Valle del Cauca) y cuatro regiones del país (Caribe, Pacífica, Andina y la Orinoquia y Amazonia). De esta manera, se ofrece información de los estadísticos genéticos, forenses y poblacionales para 23 microsatélites incluyendo los 20 *loci* del CODIS, Penta D y Penta E para todas las divisiones políticas de Colombia, exceptuando el departamento de San Andrés y Providencia. Es, además, la única base de

datos de cobertura nacional que ofrece información genética poblacional para el microsatélite SE33.

Además en un trabajo futuro sería ideal, profundizar en la caracterización de la población colombiana por regiones, ya que, por el flujo genético secundario a las diversas olas migratorias, la estructura genética de las divisiones políticas y regiones ha cambiado, lo cual se evidencia en el F_{st} encontrado al analizar a la población colombiana de manera global, valor que se presenta en poblaciones altamente divergentes (Roberts and Cavalli-Sforza 1996).

8. CONCLUSIONES

- Se establecen los parámetros estadísticos poblacionales y forenses para 23 microsatélites autosómicos :CSF1PO, FGA, SE33, TH01, TPOX, vWA, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, D13S317, D16S539, D18S51, D21S11, D1S1656, D2S441, D2S1338, D10S1248, D12S391, D19S433, D22S1045, Penta D y Penta E analizando a Colombia de manera global, por departamentos :Antioquia, Atlántico, Bogotá, Bolívar, Boyacá, Caldas, Cauca, Cesar, Choco, Córdoba, Cundinamarca, Huila, La Guajira, Magdalena Nariño, Norte de Santander, Quindío, Risaralda, Santander, Sucre, Tolima, Valle del Cauca, y por regiones: Caribe, Pacífica, Andina, la Orinoquía y Amazonia.
- Se confirma la alta eficiencia forense de Penta E y Penta D.
- Se observo que de los 23 STRs autosómicos analizados para la población colombiana Penta E es el locus más informativo, debido a su alto valor de poder de discriminación, poder de exclusión y contenido de información polimórfica.
- El *locus* SE 33 presento la mayor heterocigosidad observada en el presente estudio, hallazgo concordante con trabajos anteriores.
- Los *loci* más informativos después de Penta E son: D18S51, D2S1338 y FGA dado su alto poder de discriminación y de exclusión al analizar a Colombia de manera global, por departamentos y regiones.

- D22S1045, TPOX y TH01 son los *loci* menos informativos dado su bajo valor de contenido de información polimórfica y de heterocigosidad observada.
- Se informan 20 alelos nuevos no descritos con anterioridad: 14.1 en CSF1PO; 22.3 en D12S391; 17 y 23 en D16S539; 8.2 y 11.2 en D19S433; 11 y 14 en D21S11; 9.3 en D2S1338; 9.3 y 14.1 D2S441; 9.1 en D3S1358; 12.1 en D5S818; 4, 25 y 25.1 en Penta E; 8.3, 10.2 y 13.3 en SE33; 17 en TH01.
- Los parámetros estadísticos poblacionales y forenses obtenidos en el presente trabajo son similares a los resultados reportados por otros autores.
- Los *loci* que no se encontraron en equilibrio de Hardy Weinberg en los departamentos de Choco, Córdoba, La Guajira, Quindío, Risaralda y Sucre, la razón más probable fue la baja muestra poblacional, menos de 100 individuos por locus analizado, en el resto de *loci* que no se encontraron en equilibrio de Hardy Weinberg la razón principal fue la asociación alélica entre locus dado por un valor de $P < 0.05$.
- En poblaciones mixtas, el desequilibrio de ligamiento generado por la presencia de bloques ancestrales con baja tasa de recombinación es una de las principales causas de desequilibrio de Hardy Weinberg.
- Claramente muchas poblaciones humanas, no cumplirán los criterios necesarios para alcanzar el equilibrio de HardyWeinberg, siempre se alejarán en mayor o menor grado.
- El tamaño de la base de datos es importante, no solo porque es una mejor representación de la población, sino porque un tamaño considerable permite una real estimación de los alelos raros, algunos de ellos nuevos y de la frecuencia alélica mínima.

9. BIBLIOGRAFÍA

Adams J. Paternity Testing: Blood Types and DNA. Paternity testing: blood types and DNA Nature Education. 2008.

Acosta MA, Brion M, Lareu MV, Carracedo Á. Genetic data on eight STRs (D5S818, D7S820, F13B, LPL, TH01, TPOX, VWA31, CSF1PO) from a Colombian population. *Forensic Sci Int*. 2002. doi:10.1016/S0379-0738(02)00292-X

ALATORRE J. Paternidad responsable en el Istmo Centroamericano. 2002. <https://repositorio.cepal.org/handle/11362/25537>.

Albrecht K, Schultheiss D. Proof of paternity: Historical reflections on an andrological forensic challenge. *Andrologia*. 2004. doi:10.1046/j.1439-0272.2003.00598.x.

Anmarkrud JA, Kleven O, Bachmann L, Lifjeld JT. Microsatellite evolution: Mutations, sequence variation, and homoplasmy in the hypervariable avian microsatellite locus HrU10. *BMC Evol Biol*. 2008. doi:10.1186/1471-2148-8-138.

BANCHS, M. Género masculino: Buscando al padre en la literatura. En *Segundas Jornadas Ucevistas de Investigación en Género*. 26 al 28 de mayo de 1999. Sala E. Universidad Central de Venezuela.

Bertaina, A., & Andreani, M. (2018). Major histocompatibility complex and hematopoietic stem cell transplantation: Beyond the classical HLA polymorphism. *International Journal of Molecular Sciences*. <https://doi.org/10.3390/ijms19020621>

Biogenómica historia de pruebas de paternidad. Las Pruebas de Paternidad en la Historia BioGenómica. *Biogenómica*. 2000;Página pri. <http://biogenomica.com/historia.htm>.

Bodmer W. Genetic characterization of human populations: From abo to a genetic map of the british people. *Genetics*. 2015. doi:10.1534/genetics.114.173062.

Bravo MLJ, Builes JJ, de Pancorbo MM, Moreno MA. Analysis of 12 STR loci in Antioquia (Colombia) population sample. *Int Congr Ser*. 2004. doi:10.1016/S0531-5131(03)01532-2.

Bugert P, Rink G, Kemp K, Kltter H. Blood group ABO genotyping in paternity estng Transfusion Med Hemotherapy. 2012. Doi:10.1159/000339235.Lee AH, Reid ME.

Butler JM, Hill CR. Biology and genetics of new autosomal str loci useful for forensic DNA analysis. *Forensic Sci Rev.* 2012. doi:10.1201/b15361-13.

Calabrese, P. P., Durret, R. T., & Aquadro, C. F. (2001). Dynamics of microsatellite divergence under stepwise mutation and proportional slippage/point mutation models. *Genetics*. <https://doi.org/melanogaster-species-complex-drosophila-melanogaster-saccharomyces-cerevisiae-genetic-distances-range-constraints-point-mutations-tandem-repeat-allele-size-loci-population>.

CATALUÑA CDB. DERECHO A CONOCER LOS ORÍGENES BIOLÓGICOS Y GENÉTICOS DE LA PERSONA. *Com BIOÈTICA CATALUÑA*. 2006. http://canalsalut.gencat.cat/web/.content/Sistema_de_salud/CBC/recursos/documents_tematica/derecho_origenes_biologicos.pdf.

Caratachea MAC. Polimorfismos genéticos: Importancia y aplicaciones. *Rev del Inst Nac Enfermedades Respir.* 2007. doi:10.1016/j.surfcoat.2009.08.015.

Carracedo Á. La variabilidad genética de los micro y minisatélites y su aplicación en medicina legal. 2001:75. http://ruc.udc.es/bitstream/2183/9461/1/CC_21_art_7.pdf.

Carracedo A, Prieto L. Valoración de la prueba genética. En: ADN Forense: problemas éticos y jurídicos, Observatorio de Bioética y Derecho de la Universidad de Barcelona, Colección de Bioética, 2014, p145, ISBN 978-84-475-3794-5.

CASTELLANO ARROYO M. Evolucion historica de la investigacion de la paternidad. En Maria Begoña Martinez Jarreta. La prueba de ADN en Medicina Forenses. Masson, Barcelona, 1.999, pp, 35-51.

Chistiakov DA, Hellemans B, Volckaert FAM. Microsatellites and their genomic distribution, evolution, function and applications: A review with special reference to fish genetics. *Aquaculture*. 2006. doi:10.1016/j.aquaculture.2005.11.031.

Choo SY. The HLA system: Genetics, immunology, clinical testing, and clinical implications. *Yonsei Med J.* 2007. doi:10.3349/ymj.2007.48.1.11.

Colombia. CONSTITUCION POLITICA DE COLOMBIA. *J Chem Inf Model.* 1991. doi:10.1017/CBO9781107415324.004.

CONSTITUCION POLITICA REPUBLICA DE COLOMBIA, Senado de la Republica.1991. www.senado.gov.co.

Crozier RH, Kaufmann B, Carew ME, Crozier YC. Mutability of microsatellites developed for the ant *Camponotus consobrinus*. *Mol Ecol.* 1999. doi:10.1046/j.1365-294X.1999.00565.x.

- Choo SY. The HLA system: Genetics, immunology, clinical testing, and clinical implications. *Yonsei Med J.* 2007. doi:10.3349/ymj.2007.48.1.11.
- Dane. 2003. “Evidencia Reciente Del Comportamiento de La Migración Interna En Colombia a Partir de La Encuesta Continua de Hogares.” *Dane.* <https://doi.org/10.1111/1754-9485.12454>.
- Deng HW, Chen WM, Recker RR. Population admixture: Detection by Hardy- Weinberg test and its quantitative effects on linkage-disequilibrium methods for localizing genes underlying complex traits. *Genetics.* 2001.
- Dib C, Fauré S, Fizames C, et al. A comprehensive genetic map of the human genome based on 5,264 microsatellites. *Nature.* 1996. doi:10.1038/380152a0.
- Dognaux, S. *et al.* Allele frequencies for the new European Standard Set (ESS) loci andD1S1677 in the Belgian population. *Forensic Science International: Genetics* (2012). doi:10.1016/j.fsigen.2011.05.003
- DUBY, G. Historia de la vida privada. Madrid. Del Imperio Romano al año mil.1987.
- Eckert KA, Hile SE. Every microsatellite is different: Intrinsic DNA features dictate mutagenesis of common microsatellites present in the human genome. *Mol Carcinog.* 2009. doi:10.1002/mc.20499.
- Ellegren H. Microsatellites: Simple sequences with complex evolution. *Nat Rev Genet.* 2004. doi:10.1038/nrg1348.
- Ellman IM, Kaye D. Probabilities and proof: can HLA and blood group testing prove paternity *New York Univ Law Sch.* 1979;1131:1131-1162. <http://ssrn.com/abstract=1411902>.
- Ensenberger MG, Thompson J, Hill B, et al. Developmental validation of the PowerPlex® 16 HS System: An improved 16-locus fluorescent STR multiplex. *Forensic Sci Int Genet.* 2010. doi:10.1016/j.fsigen.2009.10.007.
- Fan H, Chu JY. A Brief Review of Short Tandem Repeat Mutation. *GenoProteomics Bioinformatics.* 2007. doi:10.1016/S1672-0229(07)60009-6.
- Feschotte C, Pritham EJ. DNA Transposons and the Evolution of Eukaryotic genomes. *Annu Rev Genet.* 2007. doi:10.1146/annurev.genet.40.110405.090448.
- GALLEGOS PEREZ, Nidia del Carmen. La teoría del hecho y acto jurídico aplicada al derecho familiar. 1 ed. Tabasco: Universidad Autónoma de Tabasco, 2006.249 p.
- Ge J, Eisenberg A, Budowle B. Developing criteria and data to determine best options for expanding the core CODIS loci. *Investig Genet.* 2012. doi:10.1186/2041-2223-3-1.

Guerrero A. Filiación en Colombia: de la incertidumbre a la ciencia. Una resección legal y jurisprudencial. *Pensam jurídico Univ Nac Colomb*. 2010;nº. 29 Sep:107-122.

Hallatschek O, Hersen P, Ramanathan S, Nelson DR. Genetic drift at expanding frontiers promotes gene segregation. *Proc Natl Acad Sci*. 2007. doi:10.1073/pnas.0710150104.

Hares DR. Selection and implementation of expanded CODIS core loci in the United States. *Forensic Sci Int Genet*. 2015. doi:10.1016/j.fsigen.2015.03.006.

Instituto Colombiano de Bienestar Familiar, Concepto 81 del 2013, https://www.icbf.gov.co/cargues/avance/docs/concepto_icbf_0000081_2013.htm.

Ito H, Yasuda N, Matsumoto H. The probability of parentage exclusion based on restriction fragment length polymorphisms. *Jpn J Hum Genet*. 1985. doi:10.1007/BF01907963

Koch, Evan, Mickey Ristroph, and Mark Kirkpatrick. 2013. "Long Range Linkage Disequilibrium across the Human Genome." *PLoS ONE*. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0080754>.

Kumari D, Usdin K. Chromatin remodeling in the noncoding repeat expansion diseases. *J Biol Chem*. 2009. doi:10.1074/jbc.R800026200.

Lee AH, Reid ME. ABO blood group system: A review of molecular aspects. *Immunohematology*. 2000. doi:10.107/s11121-016-0698-4.

López-Martínez A, Chávez-Muñoz C, Granados J. Función biológica del complejo principal de histocompatibilidad. *Rev Investig Clin*. 2005;57(2):132-141. doi:10.1097/HCR.0b013e3182243798.

Ma H, Zhu H, Guan F, Cherng S. Paternity Testing. 2006;2(4):76-92.

McMurrin SL. The hardy-weinberg principle. *PRIMUS*. 2010. doi:10.1080/10511970.2010.489544

MARTIN CASARES, Aurelia. Antropología del género. 2 ed. Madrid: Ediciones Catedra, 2008 TORT, Michel. El padre y el psicoanálisis: Una historia política. Santiago de Chile, Ediciones Palinodia, 2007.

Messaed C, Rouleau GA. Molecular mechanisms underlying polyalanine diseases. *Neurobiology Dis*. 2009. doi:10.1016/j.nbd.2009.02.013.

Mittal N, Dubay A. Microsatellite Markers- A New Practice of DNA Based Markers.Molecular Genetics. *Phcog Rev*. 2009;3(6):235-246.

- Mitas M. Trinucleotide repeats associated with human disease. *Nucleic Acids Res.* 1997. doi:10.1093/nar/25.12.2245.
- Mojica Gómez L. La prueba técnica ADN en los procesos sobre filiación. *Estud Socio-Jurídicos.* 2003. doi:10.1093/cercor/5.3.247.
- Orr HT, Zoghbi HY. Trinucleotide Repeat Disorders - annurev.neuro.29.051605.113042. *Annu Rev Neurosci.* 2007. doi:10.1146/annurev.neuro.29.051605.113042.
- Panneerchelvam S, Norazmi MN. Forensic DNA profiling and database. *Malaysian J Med Sci.* 2003.
- Paredes M, Galindo A, Bernal M, et al. Analysis of the CODIS autosomal STR loci in four main Colombian regions. *Forensic Sci Int.* 2003. doi:10.1016/S0379-0738(03)00271-8.
- Pérez Contreras M de M. El entorno familiar y los derechos de las niñas, los niños y los adolescentes: Una aproximación. *Bol Mex Derecho Comp.* 2013. doi:10.1016/S0041-8633(13)71164-5.
- Pupko T, Graur D. Evolution of microsatellites in the yeast *Saccharomyces cerevisiae*: Role of length and number of repeated units. *J Mol Evol.* 1999;48(3):313-316. doi:10.1007/PL00006474
- Ramel C. Mini- and microsatellites. In: *Environmental Health Perspectives.* ; 1997. doi:10.2307/3433284.
- Richard G-F, Kerrest A, Dujon B. Comparative Genomics and Molecular Dynamics of DNA repeats in Eukaryotes. *Microbiol Mol Biol Rev.* 2008;72(4):686-727. doi:10.1128/MMBR.00011-08.
- Robaldo M. La homoparentalidad en la deconstrucción y reconstrucción de familia. Aportes para la discusión. *Punto Género.* 2011.
- Roberts, D. F., and L. Luca Cavalli-Sforza. 1996. "The History and Geography of Human Genes." *The Journal of the Royal Anthropological Institute.* <https://doi.org/10.2307/3034645>.
- ROUDINESCO É. La Familia en Desorden. 2010;(2003):211-213.Sainudiin R, Durrett RT, Aquadro CF, Nielsen R. Microsatellite mutation models: Insights from a comparison of humans and chimpanzees. *Genetics.* 2004. doi:10.1534/genetics.103.022665.
- Ruitberg CM. STRBase: a short tandem repeat DNA database for the human identity testing community. *Nucleic Acids Res.* 2001. doi:10.1093/nar/29.1.320

Sánchez-Diz, Paula, María Amparo Acosta, Dora Fonseca, Marcela Fernández, Yenny Gómez, Manuela Jay, and others, 'Population Data on 15 Autosomal STRs in a Sample from Colombia', *Forensic Science International: Genetics*, 2009
<https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2008.08.002>.

Shapiro ED, Reifler S, Psome CL. The DNA paternity test: legislating the future paternity action. *J Law Health*. 1992;7:1:1-46. library.es@csuohio.edu.

Smouse PE, Chakraborty R. The use of restriction fragment length polymorphisms in paternity analysis. *Am J Hum Genet*. 1986.

Subramanian S, Mishra RK, Singh L. Genome-wide analysis of microsatellite repeats in humans: their abundance and density in specific genomic regions. *Genome Biol*. 2003. doi:10.1186/gb-2003-4-2-r13.

Evaluation T, Dna F, Committee E, et al. *The Evaluation of Forensic DNA Evidence. Excerpt from the Executive Summary of the National Research Council Report.*; 1997. doi:10.17226/5141

Tort M. Fin del dogma paterno. *Paid Psicol Profunda*. 2008:549.

Urquhart A, Kimpton CP, Downes TJ, Gill P. Variation in Short Tandem Repeat sequences a survey of twelve microsatellite loci for use as forensic identification markers. *Int J Legal Med*. 1994. doi:10.1007/BF01247268.

Usdin K. The biological effects of simple tandem repeats: Lessons from the repeat expansion diseases. *Genome Res*. 2008. doi:10.1101/gr.070409.107.

Usdin K. The biological effects of simple tandem repeats: Lessons from the repeat expansion diseases. *Genome Res*. 2008. doi:10.1101/gr.070409.107.

Van der Gaag KJ, de Knijff P. Forensic nomenclature for short tandem repeats updated for sequencing. *Forensic Sci Int Genet Suppl Ser*. 2015. doi:10.1016/j.fsigss.2015.09.214.

Wang DY, Chang CW, Lagacé RE, Calandro LM, Hennessy LK. Developmental Validation of the AmpFℓSTR® Identifiler® Plus PCR Amplification Kit: An Established Multiplex Assay with Improved Performance. *J Forensic Sci*. 2012. doi:10.1111/j.1556-4029.2011.01963.x

Yunis, Juan J, Oscar Garcia, Adriana G Cuervo, Elizabeth Guio, Cielo R Pineda, and Emilio J Yunis, *FOR THE RECORD Population Data for PowerPlex 16 in Thirteen Departments and the Capital City of Colombia*, *J Forensic Sci*, 2005

Zachary AA, Ratner LE, Graziani JA, Lucas DP, Delaney NL, Leffell MS. Characterization

of HLA class I specific antibodies by ELISA using solubilized antigen targets: II. Clinical relevance . *Hum Immunol.* 2001. doi:10.1016/S0198-8859(00)00253-6.

