

DESARROLLO DE UNA APLICACIÓN DE COMPUTADOR PARA ANALIZAR
PARÁMETROS ESTADÍSTICOS GENÉTICO-POBLACIONALES DE MICROSATÉLITES
EN POBLACIONES HUMANAS.

ANDRES FERNANDO ALVARADO GARZON

COLEGIO MAYOR DE NUESTRA SEÑORA DEL ROSARIO
MAESTRIA EN CIENCIAS CON ENFASIS EN GENETICA HUMANA
BOGOTA
2010

DESARROLLO DE UNA APLICACIÓN DE COMPUTADOR PARA ANALIZAR
PARÁMETROS ESTADÍSTICOS GENÉTICO-POBLACIONALES DE MICROSATÉLITES
EN POBLACIONES HUMANAS.

ANDRES FERNANDO ALVARADO GARZON

Tesis

Director: Doctor Carlos Martín Restrepo Fernández
Asesor: Doctora Indiana Bustos Bustos

COLEGIO MAYOR DE NUESTRA SEÑORA DEL ROSARIO
MAESTRIA EN CIENCIAS BASICAS CON ENFASIS EN GENETICA HUMANA
BOGOTA
2010

MAESTRIA EN CIENCIAS CON ENFASIS EN GENETICA HUMANA.
BOGOTA
2010

Nota de Aceptación:

Firma del presidente del Jurado

Firma del Jurado

Firma del jurado

Bogotá Junio de 2010

TABLA DE CONTENIDO

1	INTRODUCCIÓN.....	6
2	OBJETIVOS.....	7
2.1	Objetivo Principal	7
2.2	Objetivos secundarios	7
3	MARCO TEORICO	8
3.1	EL CONTEXTO BIOLOGICO DE LOS ESTUDIOS DE POBLACIONES.	8
3.1.1	Bases Antropológicas.....	8
3.1.2	Grupos Sanguíneos.....	9
3.1.3	Proteínas séricas y eritrocitarias.....	10
3.1.4	HLA.....	10
3.1.5	DNA.....	10
3.2	LA IMPORTANCIA DE LA ESTADÍSTICA EN EL ANÁLISIS DE POBLACIONES 18	
3.2.1	Genética de poblaciones.....	19
3.2.2	Ley de Hardy Weinberg (HW)	20
3.2.3	Parámetros estadísticos básicos para el estudio de poblaciones	21
3.3	IMPORTANCIA DE LA BIOINFORMATICA EN LA GENETICA DE POBLACIONES.....	24
3.3.1	Aplicaciones informáticas existentes.....	24
4	MATERIALES Y MÉTODOS	27
5	RESULTADOS	29
5.1	Comparación del paquete informático	29
6	DISCUSIÓN	66
7	ANEXOS.....	69
8	BIBLIOGRAFIA.....	95

TABLA DE ILUSTRACIONES

Ilustración 1. Tabla dinámica origen 84

Ilustración 2. Base..... 85

Ilustración 3 Controles..... 86

Ilustración 4 Resultado colectivo 87

Ilustración 5 Paso 1 88

Ilustración 6 Paso 2 89

Ilustración 7 Paso 3 90

Ilustración 8 Paso 4 91

Ilustración 9 Paso 5 92

Ilustración 10 Paso 6 93

Ilustración 11 Paso 7 94

1 INTRODUCCIÓN.

La información y los datos genéticos que emanan hoy de las investigaciones del genoma humano demandan el desarrollo de herramientas informáticas capaces de procesar la gran cantidad de información disponible.

La mayor cantidad de datos genéticos es el resultado de equipos que realizan el análisis simultáneo de cientos o miles de polimorfismos o variaciones genéticas, de nuevas técnicas de laboratorio de mayor rendimiento que, en conjunto, ofrecen una mayor disponibilidad de información en un corto espacio de tiempo. Esta problemática conduce a la necesidad de desarrollar nuevas herramientas informáticas capaces de lidiar con este mayor volumen de datos genéticos.

En el caso de la genética de poblaciones, a pesar de que existen herramientas informáticas que permiten procesar y facilitar el análisis de los datos, estas tienen limitaciones como la falta de conocimiento de los usuarios de algunos lenguajes de programación para alimentar la información y otras herramientas informáticas no realizan todas las estimaciones que se requieren y otros presentan limitaciones en cuanto al número de datos que pueden incorporar o manejar. En algunos casos hay redundancia al tener que usarse dos o más herramientas para poder procesar un conjunto de datos de información genética.

El presente trabajo tiene por objetivo el desarrollo de una herramienta informática basada en aplicaciones de computador comunes, en este caso Microsoft Excel[®] y que resuelva todos los problemas y las limitaciones descritas antes.

El desarrollo del conjunto de subprogramas que constituyen a Lustro; permiten superar lo anterior, presentar los resultados en un ambiente sencillo, conocido y fácil de operar, simplificando de esta forma el proceso de adaptación del usuario del programa, sin entrenamiento previo, obteniéndose en corto tiempo el procesamiento de la información genética de interés.

2 OBJETIVOS

2.1 Objetivo Principal

Desarrollar una herramienta informática para determinar frecuencias alélicas y otros estadísticos de interés de genética de poblaciones y forense en grandes muestras de población, usando una aplicación de computador accesible para usuarios comunes.

2.2 Objetivos secundarios

Desarrollar un programa del tipo macro (*Visual Basic Application*), que permita realizar estimaciones usadas en genética de poblaciones, haciendo uso del programa Microsoft Excel[®]

Determinar indicadores como: frecuencia alélica, heterocigosidad observada y esperada, contenido de información de polimorfismo, poder de discriminación, probabilidad de coincidencia, índice típico de paternidad, poder de exclusión y equilibrio de Hardy-Weinberg, para cualquier muestra amplia de población.

Desarrollar un instructivo para el uso de la herramienta informática.

3 MARCO TEORICO

3.1 EL CONTEXTO BIOLOGICO DE LOS ESTUDIOS DE POBLACIONES.

3.1.1 Bases Antropológicas.

En la historia se han utilizado rasgos que pueden heredarse para establecer la identificación de personas. Algunos caracteres son perceptibles incluso cuando solo se cuenta con restos óseos, en estos, se puede establecer el sexo por la conformación de las orbitas o de la pelvis; la estatura también se puede deducir tomando de referencia la longitud ulnar. La configuración craneana y de la pelvis, ofrecen indicios sobre la pertenencia a un grupo poblacional determinado e incluso se pueden identificar patologías, como es el caso de fracturas, procesos osteolíticos, braquidactilias, polidactilias y otras alteraciones. Estos ejemplos enfatizan el papel de la antropología forense en la identificación de individuos y estos caracteres, analizados en las poblaciones permiten definir fundamentos estadísticos propios, con los cuales se da sustento matemático al proceso de identificación. (1) (2) (3)

Otro elemento importante que ha servido para la identificación de individuos, son los rasgos como *nevus* y variaciones morfológicas o patológicas de heredabilidad demostrada como el mentón hendido o la hemofilia. Sin embargo, no siempre este tipo de características está disponible para establecer la filiación, ya sea por ser características infrecuentes, o bien por la subjetividad de la identificación precisa del rasgo. (4)

Las bases para la identificación de personas fueron establecidas en el siglo XIX, iniciándose en París por Paul Broca (1859) quien fundó la primera cátedra de antropología, desarrolló la base instrumental y propuso las primeras medidas antropométricas que originaron la antropología científica. Poco después, en Moscú (1864), se organizó una exposición de cráneos, con sus respectivas medias antropométricas que incluyó las fotografías antropológicas de más de 600 ejemplares. En Londres, Francis Galton, presentó casi 1900 evaluaciones antropométricas de diez mil personas que asistieron a la exposición internacional de sanidad de la región de Kensington, en el Reino Unido; también analizó más de 2500 huellas de los dedos pulgares, estableció los tri-radios y las bases del análisis mediante dermatoglifos para la identificación individual y el estudio de poblaciones. En Madrid (1865), se fundó la Sociedad de Antropología y se impulsaron investigaciones antropométricas en grandes poblaciones. (4) (5) (6)

Hacia finales del siglo XIX y principios del siglo XX los laboratorios de identificación estaban constituidos por gabinetes antropométricos.(1879) Se identificaba a las personas mediante fichas, que contenían descripciones detalladas de rasgos a lo largo del cuerpo: se incluyeron rasgos como la talla de pies y sentado, la braza o envergadura, los diámetros anteroposterior y transversal de la cabeza, rasgos en la frente, el color del ojo izquierdo, la nariz, las orejas (altura y anchura), la longitud de la mano y del pie, la

presencia de tatuajes, marcas y signos particulares (señales y rasgos distintivos de la fisonomía) y otras partes del cuerpo a las que se les valoraba en una escala de siete (basados en la forma, la dimensión y la inclinación). La identificación se complementaba con fotografías estandarizadas e información personal como la edad, el sexo y el lugar de nacimiento.

Estos gabinetes persistieron hasta mediados de los años 50 del siglo XX, hasta que se estableció la dactiloscopia y la ficha decadactilar como único sistema de identificación, hasta hoy día, acompañada de fotografías judiciales (de frente y perfil en el plano de Fráncfort). Hoy, además de lo anterior, se utiliza la carta dental, el análisis de osamentas y la huella genética son los sistemas de identificación vigentes y delegaron la antropometría a un segundo plano. (6) (7)

3.1.2 Grupos Sanguíneos.

Las descripciones del fenómeno de hemaglutinación, por Landsteiner en 1901; Epstein y Ottenberg (1908), reflejaron la expresión de genes polimórficos heredables, en los llamados grupos sanguíneos y abrieron la puerta a la individualización de las personas mediante un análisis biológico. De hecho, este concepto de individualidad bioquímica, expuesto por primera vez por el médico británico Archibald Garrod, es considerado la piedra angular de dichos sistemas de identificación, que aún son vigentes en el siglo XXI. (8) Además, la observación del fenómeno de incompatibilidad sanguínea en los grupos, permitió no solo explicar el fenómeno de ictericia fetal e isoinmunización a los grupos sanguíneos ABO y Rh, sino también identificar a los individuos; lo que cobró de inmediato importancia en los procesos de filiación. (9) (10)

El estudio de estas variaciones biológicas y químicas, fue analizada desde el punto de vista de la genética de poblaciones por el matemático Félix Bernstein, quien aplicó los principios de la ley de Hardy Weinberg. (8) (10) (11)

En el grupo sanguíneo ABO, existen cuatro fenotipos principales A, B, AB y O, y que se considera de herencia codominante, con expresión recesiva del alelo O. (10) (9)

El fenotipo depende de modificaciones en un oligosacárido fundamental, al cual se le añade un monosacárido extra; para A es la N acetil-galactosamina y para B, es galactosa, modificaciones que se deben a la acción de glicosiltransferasas específicas, mientras que O es el resultado de una mutación que provoca la terminación prematura en la traducción de esta enzima y, por ello, no se produce enzima activa. Cada persona hereda una copia del gen codificante de una glicosiltransferasa de cada progenitor. (12) (13) (14) (15) (16)

El grupo Rh estudiado por Wiener y Landsteiner en 1966; depende de la expresión de una triplete de genes en haplotipo, denominados Cc, Dd y Ee, para la expresión fenotípica de Rh (+) ó Rh(-). (10) (15)

3.1.3 Proteínas séricas y eritrocitarias.

Descritos por Smithies entre 1950 y 1960, los polimorfismos de enzimas y proteínas séricas sirvieron para identificar individuos y establecer la filiación hasta los años 80s y el análisis se basa en la separación de las proteínas mediante electroforesis; las más utilizadas fueron gammaglobulinas, lipoproteínas, haptoglobulina y transferrina. En Colombia, son escasos los estudios que publican frecuencias alélicas y genotípicas de las proteínas séricas, a pesar de que se usaron ampliamente en Colombia. (12) (17)

3.1.4 HLA

El antígeno leucocitario humano (*Human Leukocyte Antigen*), es un homólogo del complejo mayor de histocompatibilidad (CMH) murino (M1 y M2) y se descubrió a partir del estudio del rechazo a injertos en ratones. Jean Dausset, observó la existencia de proteínas que permitían la presentación de antígenos y el subsecuente reconocimiento inmunológico de las moléculas. De los primeros estudios, se identificaron las proteínas del HLA de la clase I: que corresponden a los genes A, B y C. (18) (19); Seguido de la descripción de moléculas asociadas con 3 genes más: DR, DP y DQ, que constituyen el HLA de la clase II; ambos presentan dos hechos importantes: 1. son los genes más polimórficos del genoma (en un *locus* se han identificado más de 250 alelos) y 2; de manera codominante, lo que implica que cada persona expresa todos los alelos heredados de sus progenitores; por hallarse ambos en el brazo corto del cromosoma 6, se segregan en forma de haplotipo, situación que limita el uso en filiación cuando padres o madres alegados son consanguíneos. (18) (20) (17)

3.1.5 DNA

El DNA nuclear de los seres humanos está conformado por porciones codificantes y otras no codificantes. Las primeras, están compuestas por secuencias que expresan un producto y se conocen como genes, lo que no ocurre con las secuencias no codificantes. Se ha propuesto que alrededor del 50% del total del DNA genómico humano es de tipo repetitivo. (21) (8)

3.1.5.1 Elementos móviles en el DNA humano.

Los trabajos de Barbara McClintock, en 1951, sobre elementos de ADN móviles responsables de características como la distribución de la herencia del color en el maíz, se han observado también en humanos; las secuencias móviles ocupan el 35% del total del genoma y se localizan en las regiones de heterocromatina. Se han descrito dos grandes grupos: Tipo I, aquellos ARNs que se trasponen por transcripción inversa

(llamados retrotrasposones o LTR) y Tipo II, que se trasponen directamente de segmentos de ADN; recientemente, se ha descrito un tercer tipo de elementos trasponibles, denominados MITE, presente en plantas, que han perdido la capacidad de trasponerse de manera independiente (22).

En los elementos trasponibles del tipo I, se distinguen dos subgrupos: los SINEs (*Short Interspersed Nuclear Elements*), que no codifican la maquinaria enzimática necesaria para su transposición y, los retrotrasposones, que son capaces de sintetizar sus propias enzimas, dentro de los cuales se pueden mencionar los LTR (*Long Terminal Repeats*) y LINEs (*Long Interspersed Nuclear Elements*). Se piensa que estos elementos son responsables de mutaciones en enfermedades hereditarias y diversos tipos de cáncer, pero también se cree que algunos de estos elementos dan origen a otros repetitivos dentro del genoma de un ser vivo como los micro y minisatélites. (8) (22) (23) (24)

3.1.5.2 VNTRs

Los minisatélites o VNTRs (del inglés: *Variable Number of Tandem Repeats*) son segmentos de ADN con una repetición compuesta por 9 a 80 bp. Esto hace que alcancen un tamaño total que varía centenaes a miles de bp. De acuerdo con el número de repeticiones, un VNTR puede alcanzar un número importante de alelos dentro de un *locus*. (21) (25) Se ha estimado que un ser humano tiene unos tres mil loci de VNTRs (26) El uso de los VNTRs fue uno de los primeros métodos de identificación humana mediante el análisis del DNA. Sin embargo, una de las limitaciones en su uso es que se requieren grandes cantidades de muestra y el uso de enzimas de restricción de elevado costo. (27) (26)

3.1.5.3 STRs

Las repeticiones cortas en tándem o STRs (del inglés: Short Tandem Repeats), son segmentos de DNA con unidades repetidas de solo unidades de 2 a 9 pb que se repiten entre dos y unas pocas docenas de veces. Se han convertido en una herramienta poderosa para la identificación humana, el mapeo cromosómico, el análisis de ligamiento y en estudios de evolución molecular. Los STRs ofrecen la posibilidad de un análisis simplificado, usando la reacción en cadena de la polimerasa, que combina múltiples *loci* en una sola reacción a un bajo costo. Sin embargo, la tasa de mutación en cada locus es mayor y pueden comprometer el tamaño de los STR por ganancia o pérdida lo que se ha asociado con el fenómeno de *slippage*.

Se estima que los STR constituyen el 3% del total del genoma humano, pudiendo ser más de 20 mil. En promedio, un STR se halla cada dos mil pares de bases y el rango de mutación oscila entre 10^{-3} a 10^{-5} nucleótidos por división celular). (28) (29)

Los STRs se clasifican también de acuerdo al contenido de las repeticiones en:

- Puros o perfectos: tienen un motivo repetido n veces en serie.
- Puros interrumpidos: poseen un motivo repetido n veces, pero se intercalan nucleótidos en medio de las repeticiones.
- Compuestos: poseen dos o más motivos repetidos en alternancia.
- Compuestos interrumpidos: además de poseer motivos distintos en alternancia presentan nucleótidos intercalados.
- Complejos: presentan combinaciones de las clases anteriores

Para nombrarlos existe una nomenclatura aceptada universalmente; como ejemplo tenemos el marcador D3S1266 en donde D implica que es DNA, 3 se refiere al cromosoma, S que es un STR y 1266 es un número identificador único. Sin embargo, antes de homologar esta nomenclatura, los STRs se denominaban de acuerdo a la acción del gen más cercano, como es el caso del vWA, que se asocia con el gen que codifica el factor de von Willebrand, cuya posición está en el brazo corto del cromosoma 12. (27) (28)

Los marcadores STR fueron descritos por primera vez como herramientas efectivas para la identificación humana, en la década de los años 90 y los STRs que hacen parte del llamado CODIS (*Combined DNA Index System*) se presentaron en 1997, en el STR project meeting, cuyo eje está constituido por 13 *loci*. Sin embargo, en otros países se utilizan otros sistemas de identificación por STR como es el caso de algunas naciones europeas (30).

Describir brevemente como los primeros STRs eran usados de manera arbitraria por cada laboratorio, luego cómo se dieron estandarizaciones y recomendaciones para su análisis y hacer comparables los resultados entre los laboratorios.

Tabla 1 STRs utilizados para identificación humana.

STR	CODIS	UK
CSF1PO	+	-
FGA	+	+
TH01	+	+
TPOX	+	-
VWA	+	+
D3S1358	+	+
D5S818	+	-
D7S820	+	-
D8S1179	+	+
D13S317	+	-
D16S539	+	+
D18S51	+	+
D21S11	+	+
D2S1338	-	+
D19S433	-	+

Fuente: Buttler2006. Ver referencia (27)

Sin embargo, existen diversos estuches comerciales, con suficientes STRs para poder realizar una identificación adecuada. Entre estos, pueden citarse como ejemplo los estuches comerciales Identifiler® de Applied Biosystems™ y Powerplex® de Promega™, que cuentan con 16 marcadores cada uno; presentan 14 STRs similares incluido la amelogénina, con el cual se puede establecer el sexo de la muestra.

Tabla 2 Comparación entre los estuches comerciales de STRs para identificación, Identifiler® y Powerplex®.

Identifiler® (Applied Biosystems™)	Powerplex® (Promega™)
D21S11	D21S11
D7S820	D7S820
TH01	TH01
CSF1P0	CSF1PO
D3S1358	D3S1358
FGA	FGA
TPOX	TPOX
vWA	vWA
Amelogenin	Amelogenin
D5S818	D5S818
D13S317	D13S317
D18S51	D18S51
D8S1179	D8S1179
D16S539	D16S539
	Penta E
	Penta D
D2S1338	
D19S433	

Fuente: www.promega.com, products.appliedbiosystems.com

Un detalle que se presenta secundario al fenómeno de inserción deleción, es la presentación de alelos que se salen de la escalera alélica utilizada para la identificación específica de un STR; es el caso de D7S820, del cual se ha establecido la presencia de alelos 9.1, 9.3, 10.1, 10.3 entre otras variantes, que muchas veces no son detectadas por primera vez por parte de las casas comerciales que elaboran los kits de detección para STR (27).

Tabla 3 Alelos descritos para STRs de uso frecuente en identificación humana.

STR Locus	Number Reported	Variant Alleles Reported as of April 2005
CSF1PO	11	5, 7.3, 8.3, 9.1, 9.3, 10.1, 10.2, 10.3, 11.1, 12.1, 16
FGA	69	12.2, 13.2, 14, 14.3, 15, 15.3, 16, 16.1, 16.2, "< 17", 17, 17.2, 18.2, 19.1, 19.2, 19.3, 20.1, 20.2, 20.3, 21.1, 21.2, 21.3, 22.1, 22.2, 22.3, 23.1, 23.2, 23.3, 24.1, 24.2, 24.3, 25.1, 25.2, 25.3, 26.1, 26.2, 26.3, 27.3, 29.2, 30.2, 31, 31.2, 32.1, 32.2, 33.1, 34.1, 34.2, 35.2, 41.1, 41.2, 42.1, 42.2, 43.1, 43.2, 44, 44.1, 44.2, 44.3, 45.1, 45.2, 46.1, 46.2, 47.2, 48.2, 49, 49.1, 49.2, 50.2, 50.3
TH01	7	4, 7.3, 8.3, 9.1, 10.3, 11, 13.3
TPOX	7	4, 5, 7.3, 13.1, 14, 15, 16
VWA	6	16.1, 18.3, 22, 23, 24, 25
D3S1358	18	8, 8.3, 9, 10, 11, 15.1, 15.2, 15.3, 16.2, 17.1, 17.2, 18.1, 18.2, 18.3, "> 19", 20, 20.1, 21.1
D5S818	5	10.1, 11.1, 12.3, 17, 18
D7S820	22	5, 5.2, 6.3, 7.1, 7.3, 8.1, 8.2, 8.3, 9.1, 9.2, 9.3, 10.1, 10.3, 11.1, 11.3, 12.1, 12.2, 12.3, 13.1, 14.1, 15, 16
D8S1179	4	7, 15.3, 18, 20
D13S317	10	5, 6, 7, 7.1, 8.1, 11.1, 11.3, 13.3, 14.3, 16
D16S539	10	6, 7, 9.3, 11.3, 12.1, 12.2, 13.1, 13.3, 14.3, 16
D18S51	30	7, 8, 9, 11.2, 12.2, 12.3, 13.1, 13.3, 14.2, 15.1, 15.2, 16.1, 16.2, 16.3, 17.2, 17.3, 18.1, 18.2, 19.2, 20.1, 20.2, 21.2, 22.1, 22.2, 23.2, 24.2, 27, 28.1, 28.3, 40
D21S11	24	24.3, 25.1, 25.2, 25.3, 26.2, 27.1, 27.2, 28.1, 28.3, 29.1, 29.3, 30.3, 31.1, 31.3, 32.1, 33.1, 34.1, 34.3, 35.1, 36.1, 36.2, 37, 37.2, 39
Penta D	14	6, 6.4, 7.1, 7.4, 9.4, 10.3, 11.1, 11.2, 12.2, 12.4, 13.2, 13.4, 14.1, 14.4
Penta E	13	9.4, 11.4, 12.1, 12.2, 13.2, 14.4, 15.2, 15.4, 16.4, 17.4, 18.4, 19.4, 23.4
D2S1338	3	13, 23.2, 23.3
D19S433	11	6.2, 7, 8, "< 9", 11.1, 12.1, 13.2, 18, 18.2, 19.2, 20
SE33	0	None reported yet in STRBase

These 264 alleles were as of April 2005. For up-to-date information, see http://www.cstl.nist.gov/biotech/strbase/var_tab.htm. Many of these variant alleles have been seen more than once. Note that some of these alleles may be present in allelic ladders from commercial kits not used by laboratories reporting these variants. STR, short tandem repeat.

Fuente: Buttler 2006. Ver referencia (27)

Tabla 4 Ubicación de los STRs más utilizados en identificación humana, dentro del cariotipo.

Locus (UniSTS)	GenBank Accession (Allele Repeat #)	Chromosomal Location	Physical Position (July 2003; NCBI Build 34)	Physical Position (May 2004; NCBI Build 35)
TPOX (240638)	M68651 (11)	2p25.3 thyroid peroxidase, 10th intron	Chr 2 1.436 Mb	Chr 2 1.472 Mb
D2S1338 (30509)	AC010136 (20)	2q35	Chr 2 219.082 Mb	Chr 2 218.705 Mb
D3S1358 (148226)	AC099539 (16)	3p21.31	Chr 3 45.543 Mb	Chr 3 45.557 Mb
FGA (240635)	M64982 (21)	4q31.3 α -fibrinogen, 3rd intron	Chr 4 156.086 Mb	Chr 4 155.866 Mb
D5S818 (54700)	AC008512 (11)	5q23.2	Chr 5 123.187 Mb	Chr 5 123.139 Mb
CSF1PO (156169)	X14720 (12)	5q33.1 c-fms proto-oncogene, 6th intron	Chr 5 149.484 Mb	Chr 5 149.436 Mb
SE33 (ACTBP2) (none reported)	V00481 (26.2)	6q14 β -actin related pseudogene	Chr 6 88.982 Mb	Chr 6 89.043 Mb
D7S820 (74895)	AC004848 (13)	7q21.11	Chr 7 83.401 Mb	Chr 7 83.433 Mb
D8S1179 (83408)	AF216671 (13)	8q24.13	Chr 8 125.863 Mb	Chr 8 125.976 Mb
TH01 (240639)	D00269 (9)	11p15.5 tyrosine hydroxylase, 1st intron	Chr 11 2.156 Mb	Chr 2 2.149 Mb
VWA (240640)	M25858 (18)	12p13.31 von Willebrand Factor, 40th intron	Chr 12 19.826 Mb	Chr 12 5.963 Mb
D13S317 (7734)	AL353628 (11)	13q31.1	Chr 13 80.520 Mb	Chr 13 81.620 Mb
Penta E (none reported)	AC027004 (5)	15q26.2	Chr 15 95.104 Mb	Chr 15 95.175 Mb
D16S539 (45590)	AC024591 (11)	16q24.1	Chr 16 86.168 Mb	Chr 16 84.944 Mb
D18S51 (44409)	AP001534 (18)	18q21.33	Chr 18 59.098 Mb	Chr 18 59.100 Mb
D19S433 (33588)	AC008507 (16)	19q12	Chr 19 35.109 Mb	Chr 19 35.109 Mb
D21S11 (240642)	AP000433 (29)	21q21.1	Chr 21 19.476 Mb	Chr 21 19.476 Mb
Penta D (none reported)	AP001752 (13)	21q22.3	Chr 21 43.912 Mb	Chr 21 43.880 Mb

Results with two different builds of the human genome are shown in order to illustrate that the physical position within the reference genome may shift slightly as new information becomes available. UniSTS is a comprehensive database of sequence tagged sites (STSs) available on the NCBI Web site: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/query.fcgi?db=units>.

STR, short tandem repeat.

Fuente: Buttlar 2006. Ver referencia (27)

Hay muchas ventajas en el análisis de STRs y del CODIS:

1. El sistema CODIS ha sido adoptado por numerosos analistas forenses.
2. Los alelos STR se pueden determinar con rapidez empleando estuches comerciales (*kits*).
3. Los alelos STR son discretos (es decir, se identifican claramente) y se comportan según los principios establecidos en genética de poblaciones. La tipificación de los STR se realiza haciendo comparaciones de tamaño con escaleras alélicas estandarizadas que presentan a los alelos más comunes que han sido secuenciadas para establecer el número real de repeticiones. (27)
4. Los datos pueden transcribirse en un formato digital y, por tanto, adecuados para las bases de datos informatizadas.
5. Laboratorios de todo el mundo están contribuyendo al análisis de frecuencias de alelos de los STRs en distintas poblaciones humanas.
6. Los perfiles STR se pueden determinar a partir de cantidades muy pequeñas de ADN. (31) Puede usarse en muestras degradadas y antiguas.
7. El costo de análisis es reducido (32).

3.1.5.4 SNPs

Los SNPs (del Inglés: *Single Nucleotide Polymorphism* o polimorfismos de un solo nucleótido), son las variaciones más comunes observadas en el genoma humano. En general, tienen solo 2 alelos que corresponden a 2 bases distintas que ocupan una determinada posición en el genoma. Los SNPs ocurren, de media, una vez cada mil pares de bases. Al comparar los genomas de dos humanos se observan aproximadamente tres millones de SNPs. Debido a que solo es la variación de una posición del genoma, se requiere un mayor número de *loci* para lograr alcanzar el poder de discriminación de los STRs ; se estima que se requieren unos 60 SNPs; la ventaja de los SNPs sobre los STRs es que se pueden incluir en un microchip, con menor costo, y se pueden desarrollar equipos automatizados para el análisis de las muestras incluso en la misma escena del crimen (21) (25) (33).

Se han realizado estudios con este tipo de marcadores en una gran cantidad de poblaciones, sin embargo, aún no hay consenso sobre el número y cuáles son los SNPs ideales para los nuevos estuches comerciales, así se podrán establecer las frecuencias en las poblaciones. (34) (35) (36)

Gran parte de los descubrimientos que se han venido haciendo con respecto a la variabilidad de los SNPs se han consignado en el mapa de haplotipos o Hap-Map (www.hapmap.org) para realizar estudios de asociación de un genotipo con cerca de 10 millones de SNPs. Estos tienen un número de características que les permite ser apropiados para los estudios forenses porque: 1. Tienen muy baja tasa de mutación lo que es importante para los test de paternidad, 2. Son de fácil análisis mediante el uso de nuevas tecnologías de genotipificación molecular y 3. Tienen un menor costo que los métodos actuales. (37)

Se han realizado pruebas que tienden a demostrar el uso de los estuches comerciales convencionales para estudio de STRs, puede complementarse con el uso de SNPs incrementando esta manera, la capacidad de discriminación combinada en pruebas de paternidad a 99.999999999 (9) %. (38)

3.2 LA IMPORTANCIA DE LA ESTADÍSTICA EN EL ANÁLISIS DE POBLACIONES

Las herramientas para validar la significancia de los marcadores hallados, la ofrece una de las disciplinas de la matemática, la estadística, con la cual se pretende determinar la probabilidad de que esté presente o no un marcador estudiado, definiendo probabilidad como la cuantificación de la verosimilitud, o frecuencia relativa de que se produzca un suceso dado o un conjunto de sucesos, durante una secuencia de intentos aleatorios ilimitados realizados en condiciones similares. (39)

La estadística clásica se divide en paramétrica y no paramétrica, la primera se asocia con las medidas de tendencia central media, mediana y moda, mientras que la segunda utiliza rangos y cuartiles como medida para analizar los datos. Sin embargo, existe un conjunto de abordajes estadísticos que permiten asumir supuestos, y así, tener control sobre situaciones bajo las cuales se realiza el análisis de los datos y se encuentran bajo el marco de la estadística bayesiana (40) (41).

Las ventajas de usar ese tipo de métodos son: 1. Facilidad para acomodar datos no observados y variables latentes; 2. Provee un mecanismo explícito para incorporar información previa por medio de distribuciones de probabilidad *a priori*; 3. Las probabilidades *a posteriori* resultantes se interpretan intuitivamente, hechos que contrastan con los obtenidos en la estadística clásica y permite el análisis del conjunto de datos asumiendo modelos complejos. (40)

Un ejemplo vinculado con la estadística bayesiana, son las pruebas de filiación, en donde se equipara el supuesto de que un individuo determinado sea el o no el presunto padre de un niño(a) y comparta la mitad de los marcadores genéticos con él, con el supuesto de que cualquier individuo de la población pudiera ser el autor del mismo aporte genético.

El uso de métodos de asociación estadística junto con marcadores genéticos que contribuyan al hallazgo de fenotipos asociados con condiciones de salud, se realiza en dos escalas diferentes: 1. El estudio del Genoma Ampliado (del Inglés: *Genome Wide Scan*, *GWS*) y 2. La búsqueda de genes candidatos. Usualmente en los ensayos de GWS se usan SNPs, de manera casi exclusiva, porque son abundantes, con baja tasa de mutación, mientras que en los estudios de genes candidatos se pueden usar estos y otros tipos de marcadores genéticos como STRs, VNTRs o RFLPs. En ambos casos los resultados muestran una gran cantidad de datos, que deben ser analizados, por lo que es esencial contar con herramientas específicas de evaluación estadística y la organización de bases de datos que permitan el análisis. (42)

3.2.1 Genética de poblaciones.

Se ha definido a la genética de poblaciones de dos maneras: como el estudio de los genes y sus alelos bajo la influencia de los procesos evolutivos. (8), pero también como la rama de la genética que se encarga de precisar la variación y la distribución de los genes, con el fin de entender la dinámica poblacional y eventualmente los fenómenos evolutivos.

Para poder establecer las dimensiones que abarca esta disciplina, debe primero definirse lo que es una población, la cual en terminología genética, es un grupo local de individuos que pertenecen a una especie, dentro de la cual ocurren apareamientos, que involucran el intercambio de material genético, con el cual se establece la herencia de algunos caracteres, que se expresarán de manera subsecuente, lo que implica el paso de un gen a un descendiente. (30) (34)

En la genética de poblaciones se debe considerar las frecuencias alélicas y no el resultado de cruces concretos. El estudio de una población se puede abordar de dos formas: la descripción de la composición genética de las poblaciones y los mecanismos por los cuales se generan cambios en el *pool* genético humano. Estos enfoques se entrecruzan constantemente, y formulan principios que son fundamentales al momento de plantear hipótesis dentro de este campo. (43) (44) Según lo anterior, la genética de poblaciones también podría definirse como la observación de rasgos heredables que son el resultado de la adaptación del organismo a su ambiente. (19) La aplicabilidad de las herramientas estadísticas asociadas con la genética de poblaciones en los seres humanos, cobró importancia a comienzos del siglo XX; cuando la medicina transfusional comenzó a estudiar el comportamiento de los polimorfismos que generan la variabilidad de los grupos sanguíneos (19) (9) (10)

Otro concepto importante que influye en la dinámica poblacional establece que los organismos vivientes no se distribuyen de manera homogénea a través de su dominio vital. La mayoría de las poblaciones se dividen en subpoblaciones de tamaño limitado, lo que se refleja en la distribución de la información genética; sin embargo, existen diferencias en la historia de los humanos modernos asociados al efecto fundador, y a expansiones en la población local. (45) (46)

La investigación sobre diferencias genéticas humanas ha tenido controversia; los conceptos genéticos usados tanto por genetistas como por individuos ajenos al campo, para justificar y perpetuar la discriminación racial y étnica; la creencia de que los grupos étnicos y raciales se fundamentan en diferencias biológicas marcadas contribuyó de manera importante a atrocidades que ocurrieron durante el siglo XX como el movimiento eugenésico. En contraste, la evidencia fósil que sugiere la existencia del humano moderno en África data de solo 200 mil años, es decir, somos una especie reciente en el planeta. (47) (48) Comparados con otros mamíferos, los humanos son genéticamente menos diversos, con polimorfismos proteicos que oscilan entre el 5% al 15% entre individuos que viven en diferentes continentes (49) (47).

Las poblaciones son entidades dinámicas, es decir, pueden crecer, o disminuir, desplazarse y potencialmente, mezclarse con otras poblaciones. (19) (8) Sin embargo a pesar de ser susceptibles a cambios, bajo determinadas condiciones permite, establecer la frecuencia con la cual se presentarán los alelos en las generaciones posteriores, bajo

un postulado de equilibrio en las frecuencias expresadas, condición denominada equilibrio de Hardy-Weinberg, llamada así en honor al matemático Inglés Godfrey H. Hardy y el médico Alemán Wilhelm Weinberg, quienes desarrollaron de manera independiente un método matemático para describir dicho fenómeno. (21) (25)

3.2.2 Ley de Hardy Weinberg (HW)

El principio de equilibrio de HW, se sustenta en 3 propiedades importantes:

1. Las frecuencias alélicas predicen las frecuencias genotípicas.
2. En el equilibrio, las frecuencias alélicas y genotípicas no cambian de generación en generación.
3. El equilibrio se alcanza con una sola generación de apareamiento al azar.

Sin embargo, como se había mencionado anteriormente, para llegar a cumplirse estos preceptos, la población debe:

1. Tener un tamaño lo suficientemente grande, para que los efectos de muestreo y artefactos asociados a la aleatoriedad generen efectos de muy baja significancia.
2. El apareamiento dentro de la población ocurra al azar.
3. No exista ventaja selectiva de algún genotipo (que afecten la viabilidad o fertilidad).
4. No existan factores que generen un gran impacto en el comportamiento de la población, es decir una tasa de mutaciones, o una migración excesiva y una deriva genética condicionada únicamente por eventos asociados al azar (17).

Con un enfoque matemático, la frecuencia de un alelo p sumada a la frecuencia de un alelo q , es igual a 1 para un *locus* con dos alelos (dialélico). Así, los genotipos resultantes son $p^2+2pq+q^2=1$, los cuales determinan la frecuencia de homocigotos y heterocigotos (11).

Partiendo de este postulado matemático se deduce que a partir de la comparación de las frecuencias observadas, con las frecuencias esperadas, se puede establecer la existencia o no de equilibrio de HW en la población. Para ello, se usan pruebas estadísticas como el χ^2 para sistemas simples o la prueba exacta de Fisher que se usa en *locus* multialélicos en donde es notorio el comportamiento asintótico de las variables (es decir, su tendencia al infinito si se expresaran en una curva) lo que disminuye parcialmente el poder de la prueba. Sin embargo, en algunas publicaciones se utiliza el método de χ^2 para poder generar un estimativo estadístico que permita establecer la existencia de equilibrio de HW (50).

Algunas de las situaciones relacionadas con el equilibrio dentro de una población, pueden vincularse con un tamaño reducido, lo que impacta en las generaciones futuras, tal es el caso del efecto fundador, en el cual, un individuo portador de un alelo que expresa un carácter específico, particularmente raro en otras poblaciones, presenta un incremento progresivo en la frecuencia al aparearse dentro de su grupo, si este presenta

tendencia a la endogamia o la restricción a un espacio geográfico determinado, de difícil acceso, para individuos de la misma especie.

Otro fenómeno asociado con una población reducida, es la deriva genética explicada como la variación en las frecuencias alélicas debido al efecto del azar. También puede mencionarse el efecto de mutaciones letales o mutaciones que disminuyan la probabilidad de apareamiento.

Otros eventos que pueden modificar dramática el equilibrio de HW en las poblaciones, son las catástrofes naturales, ya que ellas causan la eliminación de una gran parte de los individuos de una población favoreciendo la presentación de cambios en las frecuencias alélicas y la presentación de eventos de tipo infeccioso con elevada letalidad, puesto que en estos casos, se presenta un fenómeno de selección natural hacia individuos que presentan algunas características que les confieren resistencia o mayor probabilidad de recuperación ante la enfermedad, (por ejemplo inmunológicas) que, generan el mismo efecto de variación en las frecuencias alélicas y genotípicas dentro de la población bajo estudio.

3.2.3 Parámetros estadísticos básicos para el estudio de poblaciones

Así como el análisis del equilibrio de HW permite observar la estabilidad genética de una población dada, existe una variedad de indicadores matemáticos y estadísticos que miden las características de un locus genético y su capacidad de identificar e individualizar a una persona del contexto de la población, comparar a la persona con las demás de la población, así como comparar poblaciones entre sí. De esta manera es posible hoy tener una certeza matemática de la fiabilidad de los análisis realizados y explicar esos que la posibilidad de que ocurran por azar: a continuación se describen los más comúnmente usados y aceptados por la comunidad científica para el análisis de poblaciones.

Frecuencia alélica: Es la proporción que se observa de un alelo específico respecto al conjunto de los alelos que se observan dentro de un *locus* determinado en la población.

Heterocigoto: individuo con dos alelos diferentes en un *locus* determinado.

Homocigoto: Individuo con dos alelos iguales en un *locus* determinado.

Para un individuo heterocigótico, si los dos alelos tienen frecuencias p y q en una población, la probabilidad (P) de que un individuo tenga ambos alelos en un solo locus es $P = 2pq$; Si un individuo es homocigótico para un alelo cuya frecuencia es p , la probabilidad (P) del genotipo es $P = p^2$.

En los sistemas multialélicos, el número de genotipos posibles se calcula con la fórmula

$(P_1 + \dots + P_n)^2$ (8) en donde P es la probabilidad para cada sistema alélico.

Poder de exclusión: En un caso de paternidad típico, es establecer la relación entre el genotipo del padre alegado y un individuo seleccionado al azar dentro de una población. La fórmula es:

$$PE_i = h^2(1 - 2hH^2) \quad (51)$$

En donde h son los homocigotos y H los heterocigotos.

Cuando se trata de aplicar el procedimiento a un solo *locus*; Al realizar el cálculo en múltiples *loci*, la fórmula es:

$$PE_{típica} = \sum_{i=1}^n 1 - \pi (1 - PE_i) \quad (51)$$

Probabilidad de emparejamiento (coincidencia): Es el número de individuos que deben ser evaluados desde el punto de vista de perfil de DNA, antes de encontrar a un individuo con perfil idéntico dentro de una población bajo selección al azar. Su fórmula es:

$$pM = \sum_{i=a}^n \sum_{j \neq i}^n P_{ij}^2 \quad (51)$$

En donde i es una variante alélica y j es otra.

Equilibrio de Hardy Weinberg: Ley que establece que la composición genética de una población permanece estable es decir, mientras no actúe la selección natural ni ningún otro factor y no se produzca ninguna mutación. Se basa en el hecho de que la probabilidad se comporta como un binomio $(p+q)^2$.

Contenido de Información de Polimorfismo (PIC): Permite determinar la capacidad discriminatoria de los *loci*.

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^n P_i^2 - \left(\sum_{i=1}^n P_i^2 \right)^2 + \sum_{i=1}^n P_i^4 \quad (7)$$

Existen 2 posibles resultados al momento de llevar a cabo las pruebas de paternidad: puede existir una inclusión, en la cual los alelos paternos obligados en el niño, corresponden al supuesto padre y el otro evento que se puede comprobar es la exclusión, en la cual los alelos paternos obligados encontrados en el niño, no corresponden a los del supuesto padre.

En las pruebas de paternidad, se busca la probabilidad de exclusión, es decir, siempre se da el resultado como probabilidad de que otro individuo sea el padre con respecto al vinculado.

Se han presentado diversas circunstancias, que han llevado a profundizar en la identificación de seres humanos por medio de métodos genéticos y moleculares, desde el hecho de facilitar la resolución de casos de homicidio en los cuales pueden detectarse muestras fisiológicas procedentes del sospechoso en la escena del crimen, reconocimientos o negación de paternidades, llegando a la identificación de restos humanos durante grandes desastres, en los cuales el estado del cadáver imposibilita una

identificación certera del cadáver basándose en hallazgos de características anatómicas o de pertenencias. (3)

3.3 IMPORTANCIA DE LA BIOINFORMATICA EN LA GENETICA DE POBLACIONES.

Una vez se logró establecer que el análisis de polimorfismos genéticos es útil para entender el comportamiento de las poblaciones, se ha estimulado el uso masivo de polimorfismos genéticos y el consecuente aumento de la información. Con el advenimiento de nuevas herramientas informáticas, se propusieron algoritmos que permitieron el procesamiento de la información de una forma sencilla y racional. (52) (53)

La bioinformática divide el problema del manejo de la información genética en dos grandes áreas: una es la constitución de bases de datos, definidas como el ordenamiento claro, conciso y racional de la información colectada, con el fin de facilitar su manipulación y navegación a través de las líneas de información, y la otra es el análisis de los datos, que le permite manipular los registros obtenidos, con el fin de expresar los resultados, interpretarlos y establecer un curso de acción. (42)

Se han elaborado herramientas en múltiples lenguajes informáticos, siendo los más comunes Java® de Sun Microsystems® y Visual Basic® de Microsoft®; ambos presentan una estructura de programación orientada a objetos, con la cual se escriben los atributos de cada objeto, generando interacciones entre sus clases, facilitando de esta manera la modularización, lo que hace más sencillo el entendimiento de las funciones realizadas por el programa y la creación de actualizaciones de manera sencilla. (54)

3.3.1 Aplicaciones informáticas existentes

Existe un número apreciable de aplicaciones de computador que se usan para el análisis de genética poblacional, sin embargo, existen elementos a favor y en contra en el uso de cada una de estas aplicaciones; los programas analizados fueron:

Arlequin®: paquete informático de genética de poblaciones que permite analizar grandes frecuencias alélicas, genotipos o haplotipos en bases de datos que contienen en secuencias de DNA, RFLPs y STRs para uno o más *locus*.

Dentro de los requerimientos de sistema, de acuerdo al manual del paquete informático, es compatible con los sistemas operativos desde Windows 95® a Windows XP®; sin embargo, se ha probado bajo Windows Vista y requiere un mínimo de 64Mb en RAM y cuando menos 10 Mb en el Disco Duro. Sobresale una interfaz gráfica funcional y amigable, que permite discriminar de manera adecuada los bloques de información y un manual detallado que permite comprender las características del programa. Para el desarrollo de trabajo con bases de datos asociadas con STRs, las limitaciones son impuestas por la capacidad de la máquina, el largo de los registros, que no debe exceder los cien mil caracteres, y no tiene la posibilidad de leer algunos formatos de bases de datos, lo que obliga a realizar adaptaciones que exigen tiempo y la revisión manual de la

información corregida, para establecer la existencia de errores. Una falla crucial que presenta el paquete informático es la imposibilidad de generar rutinas que faciliten la importación-exportación de datos, por lo que para usos prácticos, deberá diseñarse la estructura de base de datos mucho antes de iniciar la construcción del bloque de información que se pretende analizar, teniendo en cuenta que al momento de realizar este proceso, es más sencillo hacerlo desde el block de notas de Microsoft® que a partir de la hoja de cálculo Excel®, ya que Access®, el programa ideal para el manejo de bases de datos y, quizás el más popular en la actualidad, no permite adelantar las modificaciones pertinentes para cargar la información en Arlequin® (55).

GDA®: Es una de las herramientas para el análisis de bases de datos poblacionales más citadas en las publicaciones en genética de poblaciones. Se puede usar con versiones del sistema operativo de Microsoft® desde la versión de Windows 95®, en adelante, y la única limitación técnica es la capacidad de memoria RAM que posea el computador (debe estar encima de 128Mb). Ofrece estadísticos importantes para aproximarse a las poblaciones estudiadas; dentro de los cuales, sobresale el análisis de equilibrio de Hardy Weinberg y de estadística descriptiva para sistemas alélicos. Sin embargo, al realizar la adaptación de parte de la base de datos para adelantar el proceso de análisis de información, se debe trasladar la información al block de notas de Microsoft®, con el fin de realizar la homogenización de los datos a un formato de programa denominado Nexus®. También existen dificultades al momento de realizar la adaptación de la base de datos y frecuentemente se presentan problemas con el manejo de los signos de puntuación utilizados para separar cada registro. A pesar de que para facilitar una adaptación preliminar de los datos, el conjunto de información puede tratarse inicialmente en Excel®, para luego ensamblarlos en el block de notas, para detectar problemas de sintaxis que impide adelantar el análisis de la información, llevando mucho tiempo la depuración, (56).

Winpop 2.5®: Este programa permite generar estadísticos poblacionales de índole descriptiva en muestras de pocos *loci*, es amigable y funcional a partir de Windows 95® hasta Windows Vista®. Infortunadamente, el número de estadísticos que ofrece es limitado (57).

Powerstats®: es la plantilla de hoja de cálculo de uso libre que más se aproxima al programa ideal para el estudio de poblaciones y fue propuesta el auspicio Promega Corporation®, Es de fácil uso, compatible con Excel 2000® y versiones posteriores, lo que lo hace compatible con cualquier computador que tenga esta hoja de cálculo de Microsoft®; está programado en Visual Basic®, se le puede modificar teniendo algunos conocimientos de lenguaje informático, permiten ampliando el análisis de bases de datos poblacionales y se puede estimar la mayoría de los estadísticos poblacionales usados en genética de poblaciones. Sin embargo, carece de capacidad para establecer equilibrio de HW y únicamente puede analizar poblaciones con muestras de hasta 600 registros. Por otra parte, la hoja de cálculo fue diseñada para tener en cuenta los distintos grupos

de población o etnias, es decir, es útil en poblaciones en las cuales la mezcla étnica no es común; sin embargo, para la mayoría de las naciones de Centroamérica y Suramérica, no es útil esta clasificación. (58)

4 MATERIALES Y MÉTODOS

Los datos fueron obtenidos a partir de muestras tomadas a usuarios regulares de un laboratorio de paternidad, quien permitió el acceso a sus archivos con el fin de almentar una base de datos con la cual se adelantó el trabajo.

En los pacientes analizados, se realizaron las pruebas usando los STRs de uno, dos o tres de los siguientes estuches comerciales: Powerplex 16® y FFFL® de *Promega Corporation* e Identifiler® de *Applied Biosystems*. En total se incluyeron los siguientes STRs: PENTA D, CSF1PO, D16S539, D7S820, D13S317, D5S818, PENTA E, D18S51, D21S11, TH01, D3S1358, FGA, TPOX, D8S1179, vWA, D2S1338, D19S433, F13A01, F13B, FESFPS y LPL, junto con el marcador de sexo amelogenina.

El análisis de los datos se realizó en la hoja de cálculo Excel®, mediante una macro de análisis previamente establecida y se corroboraron los resultados haciendo uso del programa GDA® y Arlequin versión 3.1®. Se determinaron frecuencias alélicas e indicadores de interés como: heterocigosidad observada y esperada, contenido de Información de Polimorfismo, poder de discriminación, probabilidad de coincidencia, índice típico de paternidad, poder de exclusión, equilibrio de Hardy-Weinberg y probabilidad de coincidencia.

Inicialmente, se desarrolló un sistema para convertir los datos individuales registros manipulables de una base de datos, de tal forma que luego permitiese adelantar los análisis poblacionales, para ello, se hizo uso de Visual Basic Application® que posee el Microsoft Excel®; con el fin de semiautomatizar el proceso y disminuir el número de errores humanos al momento de trasladar la información.

El diseño del programa escrito en lenguaje Visual Basic de tipo macro, se realizó teniendo en cuenta las dificultades existentes con cada uno de los programas anteriormente mencionados: obtención del total de los estadísticos poblacionales necesarios, dificultad de sintaxis en el lenguaje de programación de algunos de ellos y/o Características del tamaño de muestra a analizar.

La metodología de desarrollo se basó en:

1. Planteamiento del problema y segregación de este en forma modular.
2. Establecimiento de procedimientos rutinarios, mediante la grabación de macros pequeñas, para individualizar cada procedimiento directamente en la hoja de cálculo.
3. Redacción, en el editor de Visual Basic Application®, de instrucciones claves para aquellos procedimientos que presentaban alguna dificultad, seguido de la corrección de sintaxis de manera manual, consultando textos especializados, la página web de Microsoft® y foros técnicos; en caso de ausencia de información, se crearon pequeños programas que funcionaran como puentes entre lo existente y lo deseado. (59) (60)
4. Ensamblaje secuencial de los bloques modulares y prueba de la cadena de procesos. Una vez enlazado cada eslabón, como resultado, se generaban macros independientes con un orden jerárquico, de las actividades a realizar; quedó así por separado cada

tarea en 5 programas de uso individual, para superar las limitaciones descritas por el fabricante asociadas con la saturación de la memoria RAM. (61)

5. Ejecución de las macros para cada sistema STR analizado. Las macros definitivas para el análisis de la información fueron: BORRAR (método abreviado mediante los comandos Control+shift+c), ANALISIS (Control+shift+q), OPERACIÓN CHI (Control+shift+y), HOMOCIGOCIDAD (Control+shift+a) y COLECTIVO (Control+shift+l).

BORRAR (Control+shift+c): es la macro más simple y cuenta con pocas líneas de programación, se mantuvo separada de las otras macros para evitar borrar resultados parciales. La función de BORRAR es limpiar los campos utilizados en análisis previos. Actúa y limpia las hojas: tabla operaciones, HOMOCIGOCIDAD, resultado individual, CHI y alelos, y regresa a la tabla dinámica origen, desde la cual se inicia el análisis de cada sistema.

ANALISIS (Control+shift+q): es la macro más extensa de las diseñadas y por ello, es la que más utiliza recursos de memoria RAM en el computador, lo cual hace que se haga lento el proceso, consumiendo por lo regular cerca de dos minutos. Presenta diversas funciones integradas y genera las tablas para estimar los estadísticos poblacionales requeridos. Los resultados incluyen la distribución de los resultados en diversas hojas y estima las frecuencias alélicas observadas y esperadas, el genotipo esperado el índice de contenido de información de polimorfismo para cada *locus*.

OPERACIÓN CHI (Control+shift+y): esta macro estima el equilibrio de HW en los *loci* estudiados. Hace uso de las funciones DISTR.CHI y CHI que se encuentran anidadas en la hoja de cálculo.

HOMOCIGOCIDAD (Control+shift+a): realiza el cálculo de una buena parte de los estadísticos poblacionales, extrayendo la información de las tablas anidadas en cada una de las hojas del archivo, lo cual conduce a la generación de una columna en la hoja HOMOCIGOCIDAD, la cual es el resumen de estadísticos del locus de interés STR.

COLECTIVO (Control+shift+l): estima las frecuencias alélicas observadas, dentro de la tabla de resultados colectivos, acumulando el resultado, en orden consecutivo, en la primera celda del locus analizado.

5 RESULTADOS

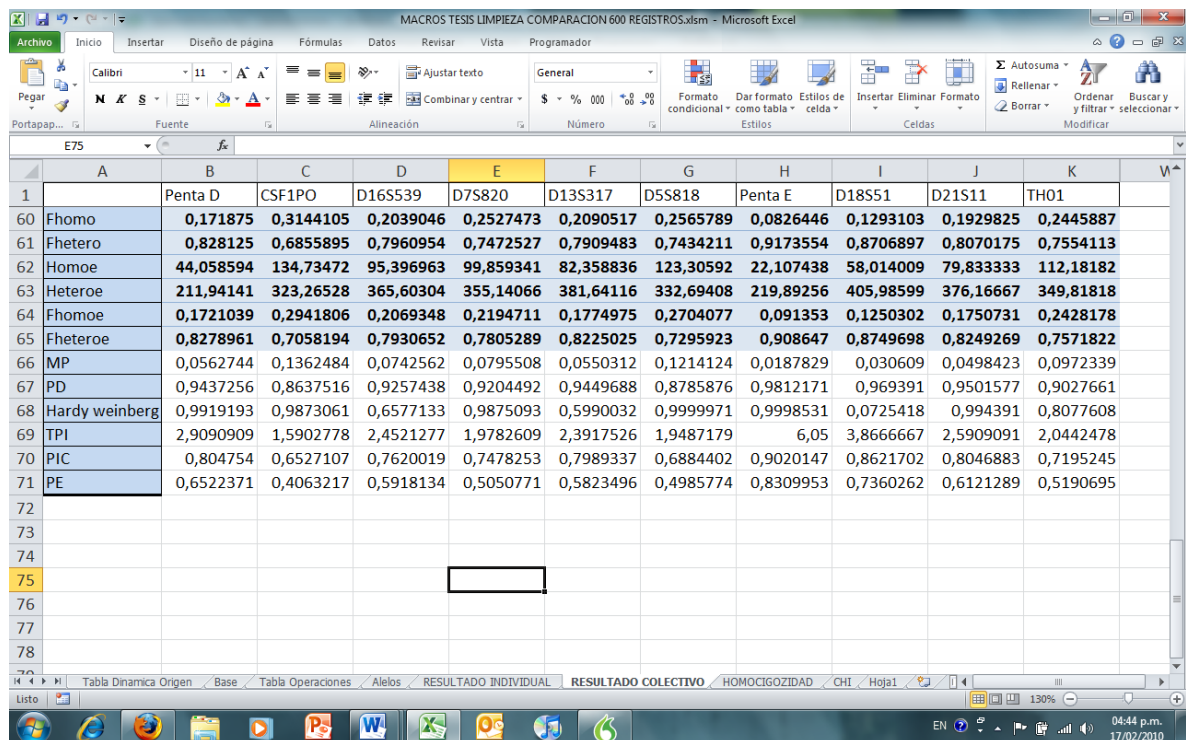
5.1 Ejecución del paquete informático

El programa diseñado se ejecutó sobre una base de datos de 3045 registros, teniendo como inconveniente inicial la capacidad intrínseca del VBA para limpiar la memoria RAM luego de cada secuencia de análisis, lo cual se solventó fragmentando las líneas de programa, impidiendo de esta manera el bloqueo

5.2 Comparación del paquete informático

El paquete informático obtenido se comparó con el paquete informático powerstats®, para evaluar el nivel de coincidencia en los resultados obtenidos en los indicadores comunes de paternidad. Por otra parte se hizo uso del paquete informático GDA® para evaluar el resultado obtenido para el equilibrio de Hardy Weinberg, en donde la única diferencia es que en los resultados obtenidos con el programa diseñado, se hace uso de la prueba estadística χ^2 mientras que en GDA® se hace uso del test de Fisher. La comparación se hizo utilizando únicamente 600 registros de la base de datos debido a las limitaciones que presenta en este aspecto el paquete informático powerstats®.

Tabla 5 Resultados parámetros estadísticos programa LUSTRO.



	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	V
1		Penta D	CSF1PO	D16S539	D7S820	D13S317	D5S818	Penta E	D18S51	D21S11	TH01	
60	Fhomo	0,171875	0,3144105	0,2039046	0,2527473	0,2090517	0,2565789	0,0826446	0,1293103	0,1929825	0,2445887	
61	Fhetero	0,828125	0,6855895	0,7960954	0,7472527	0,7909483	0,7434211	0,9173554	0,8706897	0,8070175	0,7554113	
62	Homoe	44,058594	134,73472	95,396963	99,859341	82,358836	123,30592	22,107438	58,014009	79,833333	112,18182	
63	Heteroe	211,94141	323,26528	365,60304	355,14066	381,64116	332,69408	219,89256	405,98599	376,16667	349,81818	
64	Fhomoe	0,1721039	0,2941806	0,2069348	0,2194711	0,1774975	0,2704077	0,091353	0,1250302	0,1750731	0,2428178	
65	Fheteroe	0,8278961	0,7058194	0,7930652	0,7805289	0,8225025	0,7295923	0,908647	0,8749698	0,8249269	0,7571822	
66	MP	0,0562744	0,1362484	0,0742562	0,0795508	0,0550312	0,1214124	0,0187829	0,030609	0,0498423	0,0972339	
67	PD	0,9437256	0,8637516	0,9257438	0,9204492	0,9449688	0,8785876	0,9812171	0,969391	0,9501577	0,9027661	
68	Hardy weinberg	0,9919193	0,9873061	0,6577133	0,9875093	0,5990032	0,9999971	0,9998531	0,0725418	0,994391	0,8077608	
69	TPI	2,9090909	1,5902778	2,4521277	1,9782609	2,3917526	1,9487179	6,05	3,8666667	2,5909091	2,0442478	
70	PIC	0,804754	0,6527107	0,7620019	0,7478253	0,7989337	0,6884402	0,9020147	0,8621702	0,8046883	0,7195245	
71	PE	0,6522371	0,4063217	0,5918134	0,5050771	0,5823496	0,4985774	0,8309953	0,7360262	0,6121289	0,5190695	
72												
73												
74												
75												
76												
77												
78												

Tabla 6 Resultados parámetros estadísticos Powerstats V.1.2.

	A	B	C	D	E	F	G	H	I
1	Locus:								
2			Penta D	CSF1PO	D16S539	D7S820	D13S317		
3	Forensic								
4	Matching Probability		0,056	0,136	0,074	0,080	0,055		
5	Expressed as 1 in ...		17,8	7,3	13,4	12,6	18,2		
6	Power of Discrimination		0,944	0,864	0,926	0,920	0,945		
7	PIC		0,80	0,65	0,76	0,75	0,80		
8	Paternity								
9	Power of Exclusion		0,652	0,408	0,594	0,503	0,585		
10	Typical Paternity Index		2,91	1,59	2,47	1,97	2,41		
11	Allele Frequencies								
12	Homozygotes		17,2%	31,4%	20,3%	25,4%	20,8%		
13	Heterozygotes		82,8%	68,6%	79,7%	74,6%	79,2%		
14	Total Alleles		512	912	918	906	924		
15									
16		Allele		Frequency					
17		2,2	1,4%						

(Continuación)

	A	B	C	D	E	F	G	H	I
1	Locus:								
2			D5S818	Penta E	D18S51	D21S11	TH01		
3	Forensic								
4	Matching Probability		0,122	0,019	0,031	0,050	0,097		
5	Expressed as 1 in ...		8,2	53,2	32,6	20,1	10,3		
6	Power of Discrimination		0,878	0,981	0,969	0,950	0,903		
7	PIC		0,69	0,90	0,86	0,81	0,72		
8	Paternity								
9	Power of Exclusion		0,500	0,831	0,739	0,615	0,517		
10	Typical Paternity Index		1,96	6,05	3,92	2,61	2,04		
11	Allele Frequencies								
12	Homozygotes		25,6%	8,3%	12,8%	19,2%	24,6%		
13	Heterozygotes		74,4%	91,7%	87,2%	80,8%	75,4%		
14	Total Alleles		908	484	924	908	920		
15									
16		Allele		Frequency					
17		4					0,1%		

En las tablas de resultados de ambos programas, se puede observar que los resultados son similares para las variables estudiadas.

5.3 Colombia.

Penta D

Para la evaluación de este sistema, se contó con 1437 individuos, de los cuales 248 fueron homocigotos y 1189 heterocigotos. El rango de tamaño de los STR observados en este sistema fue de 2,2 hasta 18. Las frecuencias menos elevadas se observaron en los alelos 3,2, 12,2, 17 y 18 los cuales han sido previamente descritos en la población mundial y en Colombia, de acuerdo a lo observado en otros trabajos que describen a este sistema en esta región geográfica.

Para este sistema, la probabilidad de emparejamiento fue de 0.05, es decir, solamente un 5 % de la población comparte un genotipo idéntico. El poder de discriminación fue de 0.94. Similar a lo descrito por otros autores.

El índice de contenido de polimorfismo para este locus fue de 0.80 y el índice de Hardy Weinberg fue de 0.64. El poder de exclusión fue de 0.65 y el índice típico de paternidad encontrado fue de 2.89.

CSF1PO

Un total de 2363 individuos se evaluaron para este sistema, de los cuales 736 correspondieron a individuos homocigotos y 1627 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.13 y una probabilidad de discriminación de 0.86 un índice típico de paternidad de 0.15 un Hardy Weinberg de 0.96 utilizando como estadístico de prueba el χ^2 que es observado en varias de las publicaciones consultadas. Se observó un índice de contenido de polimorfismo de 0.66 y una poder de discriminación de 0,4. Para este sistema, las frecuencias alélicas más bajas se observaron para los alelos 7 y 15; Resultados similares se han establecido en estudios con tamaños muestrales similares dentro de esta población para este sistema en particular; El TPI indicado fue de 1.60.

D16S539

Un total de 2379 individuos, de los cuales 486 correspondieron a individuos homocigotos y 1893 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.071 lo que indica que el 7,1 % de la población estudiada comparte el genotipo para este sistema, se determinó una probabilidad de discriminación de 0.92 un índice típico de paternidad de 0.102 un Hardy Weinberg de 0.9945 utilizando como estadístico de prueba el χ^2 . Un índice de contenido de polimorfismo para este locus de 0.764 y un poder de exclusión de 0.591.

Para este sistema las frecuencias alélicas más bajas se encontraron en los alelos 5 y 15, lo cual está descrito en la bibliografía consultada para esta población; El TPI fue de 2.447

D7S820

Un total de 2351 individuos, de los cuales 541 correspondieron a individuos homocigotos y 1810 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.078 y una probabilidad de discriminación de 0.92 un Hardy Weinberg de 0.69 utilizando como estadístico de prueba el χ^2 .

El Índice típico de paternidad de 0.115 Se estableció un índice de contenido de polimorfismo de 0.750 para este locus y un poder de exclusión de 0.544. Los alelos menos frecuentemente encontrados en esta población fueron el 7 y el 15, los cuales se encuentran descritos mundialmente y además se han observado en la población Colombiana.

D13S317

Un total de 2375 individuos, de los cuales 459 correspondieron a individuos homocigotos y 1916 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.057 y una probabilidad de discriminación de 0.942, un Hardy Weinberg de 0.12 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 . El índice típico de paternidad de 0.096 un índice de contenido de polimorfismo para este locus de 0.795 y un poder de exclusión de 0.61. Los alelos menos frecuentemente encontrados en la población estudiada fueron el 7 y el 15.

D5S818

Un total de 2355 individuos, de los cuales 635 correspondieron a individuos homocigotos y 1720 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.116 y una probabilidad de discriminación de 0.883 un índice típico de paternidad de 0.134 un Hardy Weinberg de 0.998 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 ; un Índice de contenido de polimorfismo de 0.685 y un poder de exclusión de 0.476. Para este sistema, los alelos menos frecuentes dentro de la muestra estudiada fueron el 15 y el 16. Sin embargo, han sido previamente descritos en la literatura.

Penta E

Un total de 1414 individuos, de los cuales 133 correspondieron a individuos homocigotos y 1281 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.116 y una probabilidad de discriminación de 0.986; El equilibrio de Hardy Weinberg en esta población de acuerdo a la prueba χ^2 arrojó un valor de 0.999, Índice típico de paternidad de 0.047 un Índice de contenido de polimorfismo de 0.910 y una poder de exclusión de 0.807. Los alelos menos frecuentes dentro de la muestra estudiada, fueron el 13,2, el 23 24 y 25.

D18S51

Un total de 2378 individuos, de los cuales 334 correspondieron a individuos homocigotos y 2044 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.029 y una probabilidad de discriminación de 0.97 un Hardy Weinberg de 0.840 de acuerdo a la prueba estadística de χ^2 . Un índice típico de paternidad de 0.070 Un Índice de contenido de polimorfismo de 0.860 y una poder de exclusión de exclusión de 0.713.

Los alelos menos comunes dentro de este sistema para la muestra poblacional estudiada, fueron los alelos 9, 10, 25 y 27.

D21S11

Un total de 2348 individuos, de los cuales 400 correspondieron a individuos homocigotos y 1948 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.048 y una probabilidad de discriminación de 0.951 Al evaluar la existencia de equilibrio de Hardy Weinberg en la muestra estudiada bajo este sistema, se obtuvo un valor estadístico de 0.916 según la prueba χ^2 utilizada en otros trabajos de este tipo; el índice típico de paternidad de 0.085 un índice de contenido de polimorfismo de 0.808 y un poder de exclusión de 0.655. Los alelos que se presentaron con menos frecuencia para este sistema fueron el 24,2, 25, 28,2, 35,2 y el 36; descritos todos a nivel mundial y en Colombia.

THO1

Un total de 2377 individuos, de los cuales 552 correspondieron a individuos homocigotos y 1825 a heterocigotos, con una probabilidad de apareamiento de 0.097 y una probabilidad de discriminación de 0.902 un Hardy Weinberg de 0.934 de acuerdo a la prueba χ^2 . Un índice típico de paternidad de 0.116 un índice de contenido de polimorfismo de 0.690 y un poder de exclusión de 0.540. Los alelos menos frecuentes en la muestra estudiada fueron 4,5 y 11.

D3S1358

Un total de 2337 individuos, de los cuales 632 correspondieron a individuos homocigotos y 1705 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.112 y una probabilidad de discriminación de 0.887 un Hardy Weinberg de 0.999 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 .

Se observó un índice típico de paternidad de 0.135 un Índice de contenido de polimorfismo de 0.690 y una probabilidad de exclusión de 0.475. Los alelos menos frecuentemente encontrados fueron el 11, el 12 y el 20.

FGA

Un total de 2370 individuos, de los cuales 290 correspondieron a individuos homocigotos y 2080 a heterocigotos, con una probabilidad de apareamiento de 0.028 y una probabilidad de discriminación de 0.971 un Hardy Weinberg de 0.998 según el estadístico de prueba χ^2 ; un índice típico de paternidad de 0.061 un índice de contenido de polimorfismo de 0.864 y una probabilidad de exclusión de 0.75. Los alelos menos frecuentemente encontrados fueron 18,2, 20,2, 22,2, 24,2 y 30.

TPO

Un total de 2333 individuos, de los cuales 290 correspondieron a individuos homocigotos y 2080 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.1588 y una probabilidad de discriminación de 0.841 un Hardy Weinberg de 2.3×10^{-50} de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 ; índice típico de paternidad de 0.174 un índice de contenido de polimorfismo de 0.864 y una probabilidad de exclusión de 0.357. Los alelos menos frecuentes en la muestra estudiada fueron el 7, el 13 y el 15.

D8S1179

Un total de 2372 individuos, de los cuales 479 correspondieron a individuos homocigotos y 1893 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.069 y una probabilidad de discriminación de 0.930 un índice típico de paternidad de 0.100 un Hardy Weinberg de 0.9986 por prueba estadística de χ^2 , un índice de contenido de polimorfismo de 0.770 y un poder de exclusión de 0.595. Las frecuencias alélicas más Bajas para este sistema fueron para los alelos 5, 7 y 9.

vWA

Un total de 1986 individuos, de los cuales 459 correspondieron a individuos homocigotos y 1527 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.009 y una probabilidad de discriminación de 0.909 un índice típico de paternidad de 0.115 un Hardy Weinberg de 0.971 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 un índice de contenido de polimorfismo de 0.732 y un poder de exclusión de 0.542. Los alelos menos frecuentes fueron el 11 y el 21.

F13A01

Un total de 52 individuos, de los cuales 9 correspondieron a individuos homocigotos y 43 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.079 y una probabilidad de discriminación de 0.920 un índice típico de paternidad de 0.086 un Hardy Weinberg de 0.102 haciendo uso de la prueba estadística de χ^2 un índice de contenido de polimorfismo de 0.788 y un poder de exclusión de 0.649. Los alelos menos frecuentemente observados fueron 12, 14 y 15.

FESFPS

Un total de 57 individuos, de los cuales 14 correspondieron a individuos homocigotos y 43 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.17 y una probabilidad de discriminación de 0.82 un índice típico de paternidad de 0.122 un Hardy Weinberg de 0.996 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 un índice de contenido de polimorfismo de 0.63 y un poder de exclusión de 0.517. El alelo menos frecuente para este sistema fue el 14.

F13B

Un total de 60 individuos, de los cuales 13 correspondieron a individuos homocigotos y 47 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.147 y una probabilidad de discriminación de 0.14 un Hardy Weinberg de 0.990 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 . Un índice típico de paternidad de 0.108 un índice de contenido de polimorfismo de 0.663 y un poder de exclusión de 0.56. El alelo menos frecuente fue el 7.

LPL

Un total de 58 individuos, de los cuales 18 correspondieron a individuos homocigotos y 40 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.190 Y una probabilidad de discriminación de 0.809 un Hardy Weinberg de 0.96 según la prueba estadística χ^2 ; un índice típico de paternidad de 0.155 un índice de contenido de polimorfismo de 0.569 y un poder de exclusión de 0.517. El alelo menos frecuentemente encontrado fue el 9.

D2S1338

Un total de 998 individuos, de los cuales 161 correspondieron a individuos homocigotos y 837 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.031 y una probabilidad de discriminación de 0.968 un Hardy Weinberg de 0.547 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 . Un índice típico de paternidad de 0.080 un índice de contenido de polimorfismo de 0.855 y un poder de exclusión de 0.672. Los alelos menos frecuentemente encontrados en esta muestra poblacional fueron el 16 y el 27.

D19S433

Un total de 646 individuos, de los cuales 106 correspondieron a individuos homocigotos y 540 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0,053 y una probabilidad de discriminación de 0.946 un Hardy Weinberg de 0.33 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2

Un índice típico de paternidad de 0.082 un índice de contenido de polimorfismo de 0.806 y una poder De exclusión de 0.66. Los alelos menos frecuentes fueron el 10, el 17 y el 17,2.

CARIBE

Penta D

Para la evaluación de este sistema, se contó con 42 individuos, de los cuales 6 fueron homocigotos y 36 heterocigotos. El rango de tamaño de los STR observados en este sistema fue de 2.2 hasta 18. Las frecuencias menos elevadas se observaron en los alelos 2,2, 15 y 16 los cuales han sido previamente descritos en la población mundial y en Colombia, de acuerdo a lo observado en otros trabajos que describen a este sistema en esta región geográfica.

Para este sistema, la probabilidad de emparejamiento fue de 0.049, es decir, solamente un 5 % de la población comparte un genotipo idéntico. El poder de discriminación fue de 0.95. Similar a lo descrito por otros autores.

El índice de contenido de polimorfismo para este locus fue de ser 0.838 y el índice de Hardy Weinberg fue menor de 0.001. El poder de exclusión fue de 0.70 y el índice típico de paternidad encontrado fue de 3,5.

CSF1PO

Un total de 67 individuos se evaluaron para este sistema, de los cuales 20 correspondieron a individuos homocigotos y 47 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.125 y una probabilidad de discriminación de 0.874 un índice típico de paternidad de 1.675 un Hardy Weinberg de 0.98 utilizando como estadístico de prueba el χ^2 que es observado en varias de las publicaciones consultadas. Se observó un Índice de contenido de polimorfismo de 0.676 y una poder de discriminación de 0.70. Para este sistema, las frecuencias alélicas más bajas se observaron para los alelos 7 y 14; Resultados similares se han establecido en estudios con tamaños muestrales similares dentro de esta población para este sistema en particular; El TPI indicado fue de 1.67 e.

D16S539

Un total de 67 individuos, de los cuales 16 correspondieron a individuos homocigotos y 51 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.074 lo que indica que el 7.4 % de la población estudiada comparte el genotipo para este sistema, se determinó una probabilidad de discriminación de 0,92 un índice típico de paternidad de 2,093 un Hardy Weinberg de 0,997 utilizando como estadístico de prueba el χ^2 . Un Índice de contenido de polimorfismo para este locus de 0.770 y un poder de exclusión de 0.529.

Para este sistema las frecuencias alélicas más bajas se encontraron en los alelos 8 y 15, lo cual esta descrito en la bibliografía consultada para esta población.

D7S820

Un total de 65 individuos, de los cuales 17 correspondieron a individuos homocigotos y 48 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.075 y una probabilidad de discriminación de 0.924 un Hardy Weinberg de 0.97 utilizando como estadístico de prueba el χ^2 .

El Índice típico de paternidad de 1.911 Se estableció un índice de contenido de polimorfismo de 0.76 para este locus y un poder de exclusión de 0.490. Los alelos menos frecuentemente encontrados en esta población fueron el 13 y el 14, los cuales se encuentran descritos mundialmente y además se han observado en la población Colombiana.

D13S317

Un total de 67 individuos, de los cuales 18 correspondieron a individuos homocigotos y 49 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.071 y una probabilidad de discriminación de 0.928, un Hardy Weinberg de 0.82 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 . El índice típico de paternidad de 1.86 un índice de contenido de polimorfismo para este locus de 0.779 y un poder de exclusión de 0.478. Los alelos menos frecuentemente encontrados en la población estudiada fueron el 8, el 9 y el 10.

D5S818

Un total de 67 individuos, de los cuales 18 correspondieron a individuos homocigotos y 49 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.121 y una probabilidad de discriminación de 0.878 un índice típico de paternidad de 1.861 un Hardy Weinberg de 0.999 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 ; un Índice de contenido de polimorfismo de 0.682 y un poder de exclusión de 0.478. Para este sistema, los alelos menos frecuentes dentro de la muestra estudiada fueron el 8 y el 15. Sin embargo, han sido previamente descritos en la literatura.

Penta E

Un total de 43 individuos, de los cuales 3 correspondieron a individuos homocigotos y 40 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.042 y una probabilidad de discriminación de 0.962; El equilibrio de Hardy Weinberg en esta población de acuerdo a la prueba χ^2 arrojó un valor de 0,999, Índice típico de paternidad de 7.166 un Índice de contenido de polimorfismo de 0.900 y una poder de exclusión de 0.857. Los alelos menos frecuentes dentro de la muestra estudiada, fueron el 11 y el 22.

D18S51

Un total de 65 individuos, de los cuales 7 correspondieron a individuos homocigotos y 58 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.0423 y una probabilidad de discriminación de 0.957 un Hardy Weinberg de 0.330 de acuerdo a la prueba estadística de χ^2 . Un índice típico de paternidad de 4.642 un Índice de contenido de polimorfismo de 0,860 y una poder de exclusión de 0.779. El alelo menos frecuente en la población estudiada fue el alelo 11.

D21S11

Un total de 66 individuos, de los cuales 8 correspondieron a individuos homocigotos y 58 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.056 y una probabilidad de discriminación de 0.943 un Hardy Weinberg de 0.094 de acuerdo a la prueba estadística de χ^2 . Un índice típico de paternidad de 4.125 un Índice de contenido de polimorfismo de 0.826 y una poder de exclusión de 0.752. El alelo menos frecuente en la población estudiada fue el alelo 35.

THO1

Un total de 67 individuos, de los cuales 16 correspondieron a individuos homocigotos y 51 a heterocigotos, con una probabilidad de apareamiento de 0.090 y una probabilidad de discriminación de 0.909 un Hardy Weinberg de 0.694 de acuerdo a la prueba χ^2 . Un índice típico de paternidad de 2.093 un índice de contenido de polimorfismo de 0.740 y un poder de exclusión de 0.529. Los alelos menos frecuentes en la muestra estudiada fueron 11 y 20.

D3S1358

Un total de 66 individuos, de los cuales 14 correspondieron a individuos homocigotos y 52 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.117 y una probabilidad de discriminación de 0.882 un Hardy Weinberg de 0.855 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 . Se observó un índice típico de paternidad de 2.35 un Índice de contenido de polimorfismo de 0.700 y una probabilidad de exclusión de 0.576. Los alelos menos frecuentemente encontrados fueron el 11 y el 20.

FGA

Un total de 67 individuos, de los cuales 8 correspondieron a individuos homocigotos y 59 a heterocigotos, con una probabilidad de apareamiento de 0.04 y una probabilidad de discriminación de 0.959 un Hardy Weinberg de 0.999 según el estadístico de prueba χ^2 ; un índice típico de paternidad de 4.187 un índice de

contenido de polimorfismo de 0.865 y una probabilidad de exclusión de 0.75. Los alelos menos frecuentemente encontrados fueron 18,28 y 29.

TPOX

Un total de 67 individuos, de los cuales 28 correspondieron a individuos homocigotos y 39 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.182 y una probabilidad de discriminación de 0.817 un Hardy Weinberg de 0.63 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 ; índice típico de paternidad de 1.196 un índice de contenido de polimorfismo de 0.566 y una probabilidad de exclusión de 0.269. Los alelos menos frecuentes en la muestra estudiada fueron el 9 y el 10.

D8S1179

Un total de 67 individuos, de los cuales 12 correspondieron a individuos homocigotos y 55 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.084 y una probabilidad de discriminación de 0.915 un índice típico de paternidad de 2.79 un Hardy Weinberg de 0.999 por prueba estadística de χ^2 , un índice de contenido de polimorfismo de 0.76 y un poder de exclusión de 0.63. Las frecuencias alélicas mas bajas para este sistema fueron para los alelos 8 y 17

vWA

Un total de 58 individuos, de los cuales 10 correspondieron a individuos homocigotos y 48 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.077 y una probabilidad de discriminación de 0.922 un índice típico de paternidad de 2.9 un Hardy Weinberg de 0.284 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 un índice de contenido de polimorfismo de 0.78 y un poder de exclusión de 0.651. Los alelos menos frecuentes fueron el 11 y el 20.

F13A01

Un total de 1 individuos, de los cuales 0 correspondieron a individuos homocigotos y 1 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 1 y una probabilidad de discriminación de 0; un índice típico de paternidad no calculable, un Hardy Weinberg de 0.563 haciendo uso de la prueba estadística de χ^2 un índice de contenido de polimorfismo de 0.37 y un poder de exclusión de uno.

FESFPS

Un total de 3 individuos, de los cuales 1 correspondieron a individuos homocigotos y 2 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de

0.555 y una probabilidad de discriminación de 0.444 un índice típico de paternidad de 1.5 un Hardy Weinberg de 0.540 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 un índice de contenido de polimorfismo de 0.345 y un poder de exclusión de 0.378.

F13B

Un total de 3 individuos, de los cuales 1 correspondió a individuos homocigotos y 2 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.333 y una probabilidad de discriminación de 0.66 un Hardy Weinberg de 0.916 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 . Un índice típico de paternidad de 1.5 un índice de contenido de polimorfismo de 0.535 y un poder de exclusión de 0.37. El alelo menos frecuente fue el 5.

LPL

Un total de 2 individuos, de los cuales 0 correspondieron a individuos homocigotos y 2 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.5 y una probabilidad de discriminación de 0.5 un Hardy Weinberg de 0.931 según la prueba estadística χ^2 ; un índice típico de paternidad indeterminado; un índice de contenido de polimorfismo de 0.554 y un poder de exclusión de 1.

D2S1338

Un total de 29 individuos, de los cuales 2 correspondieron a individuos homocigotos y 27 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.063 y una probabilidad de discriminación de 0.936 un Hardy Weinberg de 0.976 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 . Un índice típico de paternidad de 7.25 un índice de contenido de polimorfismo de 0.874 y un poder de exclusión de 0.859. El alelo menos frecuentemente encontrado en esta muestra poblacional fue el 16.

D19S433

Un total de 27 individuos, de los cuales 4 correspondieron a individuos homocigotos y 23 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.105 y una probabilidad de discriminación de 0.89 un Hardy Weinberg de 0.87 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2

Un índice típico de paternidad de 3.375 un índice de contenido de polimorfismo de 0.773 y una poder de exclusión de 0.698. El alelo menos frecuente para este sistema en la muestra, fue el 17.

ORINOQUIA Y AMAZONIA

Penta D

Para la evaluación de este sistema, se contó con 133 individuos, de los cuales 19 fueron homocigotos y 114 heterocigotos. El rango de tamaño de los STR observados en este sistema fue de 2,2 hasta 18. Las frecuencias menos elevadas se observaron en los alelos 2,2, y 15; los cuales han sido previamente descritos en la población mundial y en Colombia, de acuerdo a lo observado en otros trabajos que describen a este sistema en esta región geográfica.

Para este sistema, la probabilidad de emparejamiento fue de 0.061, es decir, solamente un 6 % de la población comparte un genotipo idéntico. El poder de discriminación fue de 0.93. Similar a lo descrito por otros autores.

El índice de contenido de polimorfismo para este locus fue de ser 0.795 y el índice de Hardy Weinberg fue 0.946. El poder de exclusión fue de 0.708 y el índice típico de paternidad encontrado fue de 3,5.

CSF1PO

Un total de 245 individuos se evaluaron para este sistema, de los cuales 75 correspondieron a individuos homocigotos y 170 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.139 y una probabilidad de discriminación de 0.860 un índice típico de paternidad de 1.633 un Hardy Weinberg de 0.999 utilizando como estadístico de prueba el χ^2 que es observado en varias de las publicaciones consultadas. Se observó un índice de contenido de polimorfismo de 0.661 y una poder de discriminación de 0.418. Para este sistema, las frecuencias alélicas más bajas se observaron para los alelos 8 y 14.

D16S539

Un total de 247 individuos, de los cuales 42 correspondieron a individuos homocigotos y 205 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.079 lo que indica que el 7.9 % de la población estudiada comparte el genotipo para este sistema, se determinó una probabilidad de discriminación de 0,92 un índice típico de paternidad de 2.94 un Hardy Weinberg de 0.924 utilizando como estadístico de prueba el χ^2 . Un Índice de contenido de polimorfismo para este locus de 0.756 y un poder de exclusión de 0.655.

Para este sistema las frecuencias alélicas más bajas se encontraron en los alelos 8 y 15.

D7S820

Un total de 243 individuos, de los cuales 57 correspondieron a individuos homocigotos y 186 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.094 y una probabilidad de discriminación de 0.905 un Hardy Weinberg de 0.997 utilizando como estadístico de prueba el χ^2 .

El índice típico de paternidad de 2.131 Se estableció un índice de contenido de polimorfismo de 0.728 para este locus y un poder de exclusión de 0.536. Los alelos menos frecuentemente encontrados en esta población fueron el 8 y el 14,

los cuales se encuentran descritos mundialmente y además se han observado en la población Colombiana.

D13S317

Un total de 245 individuos, de los cuales 49 correspondieron a individuos homocigotos y 196 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.061 y una probabilidad de discriminación de 0.938, un Hardy Weinberg de 0.356 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 . El índice típico de paternidad de 2.5 un índice de contenido de polimorfismo para este locus de 0.794 y un poder de exclusión de 0.599. Los alelos menos frecuentemente encontrados en la población estudiada fueron el 8, y el 14.

D5S818

Un total de 246 individuos, de los cuales 59 correspondieron a individuos homocigotos y 187 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.122 y una probabilidad de discriminación de 0.877 un índice típico de paternidad de 2.084 un Hardy Weinberg de 0.995 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 ; un Índice de contenido de polimorfismo de 0.683 y un poder de exclusión de 0.527. Para este sistema, los alelos menos frecuentes dentro de la muestra estudiada fueron el 8 y el 14. Sin embargo, han sido previamente descritos en la literatura.

Penta E

Un total de 126 individuos, de los cuales 7 correspondieron a individuos homocigotos y 119 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.035 y una probabilidad de discriminación de 0.979; El equilibrio de Hardy Weinberg en esta población de acuerdo a la prueba χ^2 arrojó un valor de 0.972, Índice típico de paternidad de 9 un Índice de contenido de polimorfismo de 0.904 y una poder de exclusión de 0.886. Los alelos menos frecuentes dentro de la muestra estudiada, fueron el 8 y el 23.

D18S51

Un total de 245 individuos, de los cuales 39 correspondieron a individuos homocigotos y 206 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.035 y una probabilidad de discriminación de 0.964 un Hardy Weinberg de 0.997 de acuerdo a la prueba estadística de χ^2 . Un índice típico de paternidad de 3.14 un Índice de contenido de polimorfismo de 0.856 y una poder de exclusión de 0.676. El alelo menos frecuente en la población estudiada fue el alelo 23.

D21S11

Un total de 244 individuos, de los cuales 43 correspondieron a individuos homocigotos y 201 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.056 y una probabilidad de discriminación de 0.943 un Hardy Weinberg de 0.970 de acuerdo a la prueba estadística de χ^2 . Un índice típico de paternidad de 2.837 un Índice de contenido de polimorfismo de 0.803 y una poder de exclusión de 0.643. El alelo menos frecuente en la población estudiada fue el alelo 35.

THO1

Un total de 247 individuos, de los cuales 61 correspondieron a individuos homocigotos y 186 a heterocigotos, con una probabilidad de apareamiento de 0.100 y una probabilidad de discriminación de 0.899 un Hardy Weinberg de 0.999 de acuerdo a la prueba χ^2 . Un índice típico de paternidad de 2.024 un índice de contenido de polimorfismo de 0.713 y un poder de exclusión de 0.514. El alelo menos frecuente encontrado en la muestra fue el 10.

D3S1358

Un total de 242 individuos, de los cuales 62 correspondieron a individuos homocigotos y 180 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.127 y una probabilidad de discriminación de 0.872 un Hardy Weinberg de 0.871 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 .

Se observó un índice típico de paternidad de 1.95 un Índice de contenido de polimorfismo de 0.675 y una probabilidad de exclusión de 0.499. Los alelos menos frecuentemente encontrados fueron el 13 y el 19.

FGA

Un total de 245 individuos, de los cuales 39 correspondieron a individuos homocigotos y 206 a heterocigotos, con una probabilidad de apareamiento de 0.031 y una probabilidad de discriminación de 0.968 un Hardy Weinberg de 0.958 según el estadístico de prueba χ^2 ; un índice típico de paternidad de 3.141 un índice de contenido de polimorfismo de 0.863 y una probabilidad de exclusión de 0.676. Los alelos menos frecuentemente encontrados fueron 18, 28 y 30.

TPOX

Un total de 242 individuos, de los cuales 75 correspondieron a individuos homocigotos y 167 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.141 y una probabilidad de discriminación de 0.858 un Hardy Weinberg de 0.953 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 ; índice típico de paternidad de 1.613 un índice de contenido de polimorfismo de 0.640 y una probabilidad de exclusión de 0.413. Los alelos menos frecuentes en la muestra estudiada fueron el 7 y el 13.

D8S1179

Un total de 247 individuos, de los cuales 46 correspondieron a individuos homocigotos y 201 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.075 y una probabilidad de discriminación de 0.924 un índice típico de paternidad de 2.68 un Hardy Weinberg de 0.996 por prueba estadística de χ^2 , un índice de contenido de polimorfismo de 0.765 y un poder de exclusión de 0.624. Las frecuencias alélicas mas bajas para este sistema fueron para los alelos 5 y 17

vWA

Un total de 193 individuos, de los cuales 51 correspondieron a individuos homocigotos y 142 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.111 y una probabilidad de discriminación de 0.888 un índice típico de paternidad de 1.892 un Hardy Weinberg de 0.970 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 un índice de contenido de polimorfismo de 0.696 y un poder de exclusión de 0.485. Los alelos menos frecuentes fueron el 11 y el 19.

F13A01

Un total de 6 individuos, de los cuales 0 correspondieron a individuos homocigotos y 6 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.166 y una probabilidad de discriminación de 0.83; un índice típico de paternidad no calculable, un Hardy Weinberg de 0.581 haciendo uso de la prueba estadística de χ^2 un índice de contenido de polimorfismo de 0.829 y un poder de exclusión de 1.

FESFPS

Un total de 6 individuos, de los cuales 2 correspondieron a individuos homocigotos y 4 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.222 y una probabilidad de discriminación de 0.777 un índice típico de paternidad de 1.5 un Hardy Weinberg de 0.930 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 un índice de contenido de polimorfismo de 0.639 y un poder de exclusión de 0.378.

F13B

Un total de 6 individuos, de los cuales 1 correspondió a individuos homocigotos y 5 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.222 y una probabilidad de discriminación de 0.777 un Hardy Weinberg de 0.83 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 . Un índice típico de paternidad de 3 un índice de

contenido de polimorfismo de 0.671 y un poder de exclusión de 0.662. El alelo menos frecuente fue el 8.

LPL

Un total de 6 individuos, de los cuales 1 correspondieron a individuos homocigotos y 5 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.222 y una probabilidad de discriminación de 0.777 un Hardy Weinberg de 0.782 según la prueba estadística χ^2 ; un índice típico de paternidad de 3; un índice de contenido de polimorfismo de 0.643 y un poder de exclusión de 0.662.

D2S1338

Un total de 117 individuos, de los cuales 25 correspondieron a individuos homocigotos y 92 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.034 y una probabilidad de discriminación de 0.965 un Hardy Weinberg de 0.535 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 . Un índice típico de paternidad de 2.34 un índice de contenido de polimorfismo de 0.853 y un poder de exclusión de 0.573. El alelo menos frecuentemente encontrado en esta muestra poblacional fue el 26.

D19S433

Un total de 76 individuos, de los cuales 7 correspondieron a individuos homocigotos y 69 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.061 y una probabilidad de discriminación de 0.938 un Hardy Weinberg inferior a 0.001 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 .

Un índice típico de paternidad de 5.42 un índice de contenido de polimorfismo de 0.826 y una poder de exclusión de 0.811. El alelo menos frecuente para este sistema en la muestra, fue el 16.2, él 17 y el 17.2.

PACIFICO

Penta D

Para la evaluación de este sistema, se contó con 172 individuos, de los cuales 29 fueron homocigotos y 143 heterocigotos. El rango de tamaño de los STR observados en este sistema fue de 2,2 hasta 16. Las frecuencias menos elevadas se observaron en los alelos 15 y 16; los cuales han sido previamente descritos en la población mundial y en Colombia, de acuerdo a lo observado en otros trabajos que describen a este sistema en esta región geográfica.

Para este sistema, la probabilidad de emparejamiento fue de 0.066. El poder de discriminación fue de 0.93. Similar a lo descrito por otros autores.

El índice de contenido de polimorfismo para este locus fue de ser 0.793 y el índice de Hardy Weinberg fue 0.825. El poder de exclusión fue de 0.658 y el índice típico de paternidad encontrado fue de 2.96.

CSF1PO

Un total de 293 individuos se evaluaron para este sistema, de los cuales 85 correspondieron a individuos homocigotos y 208 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.132 y una probabilidad de discriminación de 0.867 un índice típico de paternidad de 1.723 un Hardy Weinberg de 0.978 utilizando como estadístico de prueba el χ^2 que es observado en varias de las publicaciones consultadas. Se observó un Índice de contenido de polimorfismo de 0.663 y una poder de discriminación de 0.443. Para este sistema, las frecuencias alélicas más bajas se observaron para los alelos 8 y 14.

D16S539

Un total de 295 individuos, de los cuales 63 correspondieron a individuos homocigotos y 232 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.077 lo que indica que el 7.7 % de la población estudiada comparte el genotipo para este sistema, se determinó una probabilidad de discriminación de 0,92 un índice típico de paternidad de 2.34 un Hardy Weinberg de 0.992 utilizando como estadístico de prueba el χ^2 . Un Índice de contenido de polimorfismo para este locus de 0.756 y un poder de exclusión de 0.574.

Para este sistema las frecuencias alélicas más bajas se encontraron en los alelos 8 y 14.

D7S820

Un total de 290 individuos, de los cuales 77 correspondieron a individuos homocigotos y 213 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.079 y una probabilidad de discriminación de 0.920 un Hardy Weinberg de 0.745 utilizando como estadístico de prueba el χ^2 .

El Índice típico de paternidad de 1.883 Se estableció un índice de contenido de polimorfismo de 0.749 para este locus y un poder de exclusión de 0.483. Los alelos menos frecuentemente encontrados en esta población fueron el 7 y el 13, los cuales se encuentran descritos mundialmente y además se han observado en la población Colombiana.

D13S317

Un total de 292 individuos, de los cuales 49 correspondieron a individuos homocigotos y 243 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.057 y una probabilidad de discriminación de 0.942, un Hardy Weinberg de 0.932 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 . El índice típico de paternidad de 2.97 un

índice de contenido de polimorfismo para este locus de 0.801 y un poder de exclusión de 0.660. Los alelos menos frecuentemente encontrados en la población estudiada fueron el 8, y el 15.

D5S818

Un total de 283 individuos, de los cuales 68 correspondieron a individuos homocigotos y 215 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.105 y una probabilidad de discriminación de 0.894 un índice típico de paternidad de 2.080 un Hardy Weinberg de 0.971 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 ; un Índice de contenido de polimorfismo de 0.706 y un poder de exclusión de 0.526. Para este sistema, los alelos menos frecuentes dentro de la muestra estudiada fueron el 6 y el 14. Sin embargo, han sido previamente descritos en la literatura.

Penta E

Un total de 175 individuos, de los cuales 14 correspondieron a individuos homocigotos y 161 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.016 y una probabilidad de discriminación de 0.983; El equilibrio de Hardy Weinberg en esta población de acuerdo a la prueba χ^2 arrojó un valor de 0.998, Índice típico de paternidad de 6.25 un Índice de contenido de polimorfismo de 0.908 y un poder de exclusión de 0.836. Los alelos menos frecuentes dentro de la muestra estudiada, fueron el 6 y el 23.

D18S51

Un total de 291 individuos, de los cuales 58 correspondieron a individuos homocigotos y 233 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.039 y una probabilidad de discriminación de 0.960 un Hardy Weinberg de 0.62 de acuerdo a la prueba estadística de χ^2 . Un índice típico de paternidad de 2.50 un Índice de contenido de polimorfismo de 0.835 y una poder de exclusión de 0.600. Los alelos menos frecuentemente encontrados en la población estudiada para este sistema fueron el 23 y el 25.

D21S11

Un total de 286 individuos, de los cuales 60 correspondieron a individuos homocigotos y 226 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.056 y una probabilidad de discriminación de 0.943 un Hardy Weinberg de 0.893 de acuerdo a la prueba estadística de χ^2 . Un índice típico de paternidad de 2.383 un Índice de contenido de polimorfismo de 0.800 y una poder de exclusión de 0.580. Los alelos menos frecuentes en la población estudiada fueron los alelos 26, 34, 2 y el 35.

THO1

Un total de 294 individuos, de los cuales 74 correspondieron a individuos homocigotos y 220 a heterocigotos, con una probabilidad de apareamiento de 0.108 y una probabilidad de discriminación de 0.891 un Hardy Weinberg de 0.655 de acuerdo a la prueba χ^2 . Un índice típico de paternidad de 1.986 un índice de contenido de polimorfismo de 0.720 y un poder de exclusión de 0.506. El alelo menos frecuente encontrado en la muestra fue el 5.

D3S1358

Un total de 283 individuos, de los cuales 99 correspondieron a individuos homocigotos y 184 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.135 y una probabilidad de discriminación de 0.864 un Hardy Weinberg de 0.997 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 .

Se observó un índice típico de paternidad de 1.429 un Índice de contenido de polimorfismo de 0.651 y una probabilidad de exclusión de 0.355. Los alelos menos frecuentemente encontrados fueron el 13 y el 19.

FGA

Un total de 292 individuos, de los cuales 31 correspondieron a individuos homocigotos y 261 a heterocigotos, con una probabilidad de apareamiento de 0.030 y una probabilidad de discriminación de 0.969 un Hardy Weinberg de 0.981 según el estadístico de prueba χ^2 ; un índice típico de paternidad de 4.709 un índice de contenido de polimorfismo de 0.863 y una probabilidad de exclusión de 0.782. Los alelos menos frecuentemente encontrados fueron el 18 y el 28.

TPOX

Un total de 281 individuos, de los cuales 106 correspondieron a individuos homocigotos y 175 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.185 y una probabilidad de discriminación de 0.814 un Hardy Weinberg de 0.001 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 ; índice típico de paternidad de 1.32 un índice de contenido de polimorfismo de 0.597 y una probabilidad de exclusión de 0.319. Los alelos menos frecuentes en la muestra estudiada fueron el 14 y el 15.

D8S1179

Un total de 286 individuos, de los cuales 44 correspondieron a individuos homocigotos y 242 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.067 y una probabilidad de discriminación de 0.932 un índice típico de paternidad de 3.25 un Hardy Weinberg de 0.999 por prueba estadística de χ^2 , un índice de

contenido de polimorfismo de 0.781 y un poder de exclusión de 0.687. Las frecuencias alélicas más bajas para este sistema fueron para los alelos 8 y 9

vWA

Un total de 207 individuos, de los cuales 53 correspondieron a individuos homocigotos y 154 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.095 y una probabilidad de discriminación de 0.904 un índice típico de paternidad de 1.95 un Hardy Weinberg de 0.987 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 un índice de contenido de polimorfismo de 0.722 y un poder de exclusión de 0.499. Los alelos menos frecuentes fueron el 11 y el 21.

F13A01

Un total de 2 individuos, de los cuales 0 correspondieron a individuos homocigotos y 2 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.5 y una probabilidad de discriminación de 0.5; un índice típico de paternidad no calculable, un Hardy Weinberg de 0.931 haciendo uso de la prueba estadística de χ^2 un índice de contenido de polimorfismo de 0.554 y un poder de exclusión de 1.

FESFPS

Un total de 2 individuos, de los cuales 1 correspondieron a individuos homocigotos y 1 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.5 y una probabilidad de discriminación de 0.5 un índice típico de paternidad de 1 un Hardy Weinberg de 0.715 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 un índice de contenido de polimorfismo de 0.304 y un poder de exclusión de 0.187.

F13B

Un total de 2 individuos, de los cuales 0 correspondió a individuos homocigotos y 2 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.5 y una probabilidad de discriminación de 0.5 un Hardy Weinberg de 0.689 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 . Un índice típico de paternidad no calculable; un índice de contenido de polimorfismo de 0.554 y un poder de exclusión de 1. El alelo menos frecuente fue el 8.

LPL

Un total de 2 individuos, de los cuales 1 correspondieron a individuos homocigotos y 1 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.5 y una probabilidad de discriminación de 0.5 un Hardy Weinberg de 0.715 según la

prueba estadística χ^2 ; un índice típico de paternidad de 1, un índice de contenido de polimorfismo de 0.304 y un poder de exclusión de 0.187.

D2S1338

Un total de 120 individuos, de los cuales 17 correspondieron a individuos homocigotos y 103 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.044 y una probabilidad de discriminación de 0.955 un Hardy Weinberg de 0.923 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 . Un índice típico de paternidad de 3.529 un índice de contenido de polimorfismo de 0.830 y un poder de exclusión de 0.711. El alelo menos frecuentemente encontrado en esta muestra poblacional fue el 16.

D19S433

Un total de 81 individuos, de los cuales 11 correspondieron a individuos homocigotos y 70 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.061 y una probabilidad de discriminación de 0.938 un Hardy Weinberg inferior a 0.999 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 .

Un índice típico de paternidad de 3.68 un índice de contenido de polimorfismo de 0.823 y una poder de exclusión de 0.723. El alelo menos frecuente para este sistema en la muestra, fue el 10.

REGIÓN CENTRAL

Penta D

Para la evaluación de este sistema, se contó con 818 individuos, de los cuales 156 fueron homocigotos y 662 heterocigotos. Las frecuencias menos elevadas se observaron en los alelos 2.2 y 17; los cuales han sido previamente descritos en la población mundial y en Colombia, de acuerdo a lo observado en otros trabajos que describen a este sistema en esta región geográfica.

Para este sistema, la probabilidad de emparejamiento fue de 0.051. El poder de discriminación fue de 0.948. Similar a lo descrito por otros autores.

El índice de contenido de polimorfismo para este locus fue de ser 0.806 y el índice de Hardy Weinberg fue 0.825. El poder de exclusión fue de 0.616 y el índice típico de paternidad encontrado fue de 2.62.

CSF1PO

Un total de 1297 individuos se evaluaron para este sistema, de los cuales 416 correspondieron a individuos homocigotos y 881 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.137 y una probabilidad de discriminación de 0.862 un índice típico de paternidad de 1.558 un Hardy Weinberg de 0.981 utilizando como estadístico de prueba el χ^2 que es observado en varias de las

publicaciones consultadas. Se observó un Índice de contenido de polimorfismo de 0.650 y una poder de discriminación de 0.396. Para este sistema, las frecuencias alélicas más bajas se observaron para los alelos 7 y 15.

D16S539

Un total de 1305 individuos, de los cuales 271 correspondieron a individuos homocigotos y 232 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.077 lo que indica que el 7.7 % de la población estudiada comparte el genotipo para este sistema, se determinó una probabilidad de discriminación de 0,92 un índice típico de paternidad de 2.40 un Hardy Weinberg de 0.924 utilizando como estadístico de prueba el χ^2 . Un Índice de contenido de polimorfismo para este locus de 0.762 y un poder de exclusión de 0.584.

Para este sistema las frecuencias alélicas más bajas se encontraron en los alelos 7 y 15.

D7S820

Un total de 1295 individuos, de los cuales 287 correspondieron a individuos homocigotos y 1008 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.077 y una probabilidad de discriminación de 0.922 un Hardy Weinberg de 0.821 utilizando como estadístico de prueba el χ^2 .

El Índice típico de paternidad de 2.256 Se estableció un índice de contenido de polimorfismo de 0.752 para este locus y un poder de exclusión de 0.559. Los alelos menos frecuentemente encontrados en esta población fueron el 6 y el 14, los cuales se encuentran descritos mundialmente y además se han observado en la población Colombiana.

D13S317

Un total de 1305 individuos, de los cuales 251 correspondieron a individuos homocigotos y 1054 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.058 y una probabilidad de discriminación de 0.941, un Hardy Weinberg de 0.400 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 . El índice típico de paternidad de 2.59 un índice de contenido de polimorfismo para este locus de 0.613 y un poder de exclusión de 0.613. Los alelos menos frecuentemente encontrados en la población estudiada fueron el 5, y el 15.

D5S818

Un total de 1296 individuos, de los cuales 353 correspondieron a individuos homocigotos y 943 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.118 y una probabilidad de discriminación de 0.881 un índice típico de paternidad de 1.83 un Hardy Weinberg de 0.999 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 ; un Índice de contenido de polimorfismo de 0.683 y un poder de exclusión de 0.472.

Para este sistema, los alelos menos frecuentes dentro de la muestra estudiada fueron el 6 y el 14. Sin embargo, han sido previamente descritos en la literatura.

Penta E

Un total de 804 individuos, de los cuales 82 correspondieron a individuos homocigotos y 722 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.014 y una probabilidad de discriminación de 0.985; El equilibrio de Hardy Weinberg en esta población de acuerdo a la prueba χ^2 arrojó un valor de 0.995, Índice típico de paternidad de 4.90 un Índice de contenido de polimorfismo de 0.909 y un poder de exclusión de 0.791. Los alelos menos frecuentes dentro de la muestra estudiada, fueron el 6 y el 25.

D18S51

Un total de 1307 individuos, de los cuales 166 correspondieron a individuos homocigotos y 1141 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.027 y una probabilidad de discriminación de 0.972 un Hardy Weinberg de 0.995 de acuerdo a la prueba estadística de χ^2 . Un índice típico de paternidad de 3.936 un Índice de contenido de polimorfismo de 0.865 y una poder de exclusión de 0.740. Los alelos menos frecuentemente encontrados en la población estudiada para este sistema fueron el 23 y el 25.

D21S11

Un total de 1292 individuos, de los cuales 206 correspondieron a individuos homocigotos y 1086 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.048 y una probabilidad de discriminación de 0.951 un Hardy Weinberg de 0.996 de acuerdo a la prueba estadística de χ^2 . Un índice típico de paternidad de 3.135 un Índice de contenido de polimorfismo de 0.809 y una poder de exclusión de 0.676. Los alelos menos frecuentes en la población estudiada fueron los alelos 24, 35, 2 y el 36.

THO1

Un total de 1306 individuos, de los cuales 315 correspondieron a individuos homocigotos y 991 a heterocigotos, con una probabilidad de apareamiento de 0.097 y una probabilidad de discriminación de 0.902 un Hardy Weinberg de 0.522 de acuerdo a la prueba χ^2 . Un índice típico de paternidad de 2.073 un índice de contenido de polimorfismo de 0.718 y un poder de exclusión de 0.524. El alelo menos frecuente encontrado en la muestra fue el 12.

D3S1358

Un total de 1290 individuos, de los cuales 338 correspondieron a individuos homocigotos y 952 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.112 y una probabilidad de discriminación de 0.887 un Hardy Weinberg de 0.999 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 .

Se observó un índice típico de paternidad de 1.908 un Índice de contenido de polimorfismo de 0.695 y una probabilidad de exclusión de 0.489. Los alelos menos frecuentemente encontrados fueron el 12 y el 19.

FGA

Un total de 1300 individuos, de los cuales 158 correspondieron a individuos homocigotos y 1142 a heterocigotos, con una probabilidad de apareamiento de 0.029 y una probabilidad de discriminación de 0.970 un Hardy Weinberg de 0.998 según el estadístico de prueba χ^2 ; un índice típico de paternidad de 4.113 un índice de contenido de polimorfismo de 0.861 y una probabilidad de exclusión de 0.751. Los alelos menos frecuentemente encontrados fueron el 17 y el 29.

TPOX

Un total de 1280 individuos, de los cuales 443 correspondieron a individuos homocigotos y 837 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.158 y una probabilidad de discriminación de 0.841 un Hardy Weinberg de 0.994 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 ; índice típico de paternidad de 1.32 un índice de contenido de polimorfismo de 0.617 y una probabilidad de exclusión de 0.360. Los alelos menos frecuentes en la muestra estudiada fueron el 12 y el 15.

D8S1179

Un total de 1305 individuos, de los cuales 279 correspondieron a individuos homocigotos y 1026 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.07 y una probabilidad de discriminación de 0.929 un índice típico de paternidad de 2.338 un Hardy Weinberg de 0.999 por prueba estadística de χ^2 , un índice de contenido de polimorfismo de 0.767 y un poder de exclusión de 0.573. Las frecuencias alélicas mas bajas para este sistema fueron para los alelos 8 y 9

vWA

Un total de 1103 individuos, de los cuales 249 correspondieron a individuos homocigotos y 854 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.089 y una probabilidad de discriminación de 0.910 un índice típico de paternidad de 2.21 un Hardy Weinberg de 0.999 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 un índice de contenido de polimorfismo de 0.735 y un poder de exclusión de 0.552. Los alelos menos frecuentes fueron el 11 y el 21.

F13A01

Un total de 34 individuos, de los cuales 7 correspondieron a individuos homocigotos y 27 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.102 y una probabilidad de discriminación de 0.897; un índice típico de paternidad 2.428, un Hardy Weinberg de 0.294 haciendo uso de la prueba estadística de χ^2 un índice de contenido de polimorfismo de 0.765 y un poder de exclusión de 0.588.

FESFPS

Un total de 36 individuos, de los cuales 8 correspondieron a individuos homocigotos y 28 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.188 y una probabilidad de discriminación de 0.811 un índice típico de paternidad de 2.25 un Hardy Weinberg de 0.995 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 un índice de contenido de polimorfismo de 0.634 y un poder de exclusión de 0.558.

F13B

Un total de 37 individuos, de los cuales 10 correspondió a individuos homocigotos y 27 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.145 y una probabilidad de discriminación de 0.854 un Hardy Weinberg de 0.956 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 . Un índice típico de paternidad 1.85; un índice de contenido de polimorfismo de 0.663 y un poder de exclusión de 0.475. El alelo menos frecuente fue el 6.

LPL

Un total de 36 individuos, de los cuales 12 correspondieron a individuos homocigotos y 24 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.217 y una probabilidad de discriminación de 0.782 un Hardy Weinberg de 0.981 según la prueba estadística χ^2 ; un índice típico de paternidad de 1.5, un índice de contenido de polimorfismo de 0.546 y un poder de exclusión de 0.378.

D2S1338

Un total de 522 individuos, de los cuales 88 correspondieron a individuos homocigotos y 434 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.031 y una probabilidad de discriminación de 0.968 un Hardy Weinberg de 0.666 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 . Un índice típico de paternidad de 2.965 un índice de contenido de polimorfismo de 0.855 y un poder de exclusión de 0.658. El alelo menos frecuentemente encontrado en esta muestra poblacional fue el 27.

D19S433

Un total de 340 individuos, de los cuales 53 correspondieron a individuos homocigotos y 287 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.057 y una probabilidad de discriminación de 0.942 un Hardy Weinberg inferior a 0.230 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 .

Un índice típico de paternidad de 3.20 un índice de contenido de polimorfismo de 0.801 y una poder de exclusión de 0.683. El alelo menos frecuente para este sistema en la muestra, fue el 17.

CUNDINAMARCA

Penta D

Para la evaluación de este sistema, se contó con 725 individuos, de los cuales 137 fueron homocigotos y 588 heterocigotos. Las frecuencias menos elevadas se observaron en los alelos 2.2 y 17; los cuales han sido previamente descritos en la población mundial y en Colombia, de acuerdo a lo observado en otros trabajos que describen a este sistema en esta región geográfica.

Para este sistema, la probabilidad de emparejamiento fue de 0.051. El poder de discriminación fue de 0.948. Similar a lo descrito por otros autores.

El índice de contenido de polimorfismo para este locus fue de 0.805 y el índice de Hardy Weinberg fue 0.917. El poder de exclusión fue de 0.619 y el índice típico de paternidad encontrado fue de 2.645.

CSF1PO

Un total de 1131 individuos se evaluaron para este sistema, de los cuales 345 correspondieron a individuos homocigotos y 786 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.136 y una probabilidad de discriminación de 0.863 un índice típico de paternidad de 1.639 un Hardy Weinberg de 0.998 utilizando como estadístico de prueba el χ^2 que es observado en varias de las publicaciones consultadas. Se observó un Índice de contenido de polimorfismo de 0.654 y una poder de discriminación de 0.420. Para este sistema, las frecuencias alélicas más bajas se observaron para los alelos 7 y 15.

D16S539

Un total de 1135 individuos, de los cuales 227 correspondieron a individuos homocigotos y 908 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.073 lo que indica que el 7.3 % de la población estudiada comparte el genotipo para este sistema, se determinó una probabilidad de discriminación de 0,92 un

índice típico de paternidad de 2.5 un Hardy Weinberg de 0.830 utilizando como estadístico de prueba el χ^2 . Un Índice de contenido de polimorfismo para este locus de 0.762 y un poder de exclusión de 0.599.

Para este sistema las frecuencias alélicas más bajas se encontraron en los alelos 7 y 15.

D7S820

Un total de 1127 individuos, de los cuales 253 correspondieron a individuos homocigotos y 874 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.078 y una probabilidad de discriminación de 0.921 un Hardy Weinberg de 0.926 utilizando como estadístico de prueba el χ^2 .

El Índice típico de paternidad de 2.227 Se estableció un índice de contenido de polimorfismo de 0.750 para este locus y un poder de exclusión de 0.554. Los alelos menos frecuentemente encontrados en esta población fueron el 6 y el 14, los cuales se encuentran descritos mundialmente y además se han observado en la población Colombiana.

D13S317

Un total de 1136 individuos, de los cuales 219 correspondieron a individuos homocigotos y 917 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.059 y una probabilidad de discriminación de 0.940, un Hardy Weinberg de 0.386 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 . El índice típico de paternidad de 2.59 un índice de contenido de polimorfismo para este locus de 0.792 y un poder de exclusión de 0.612. Los alelos menos frecuentemente encontrados en la población estudiada fueron el 6, y el 15.

D5S818

Un total de 1127 individuos, de los cuales 307 correspondieron a individuos homocigotos y 820 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.117 y una probabilidad de discriminación de 0.882 un índice típico de paternidad de 1.83 un Hardy Weinberg de 0.997 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 ; un Índice de contenido de polimorfismo de 0.684 y un poder de exclusión de 0.472. Para este sistema, los alelos menos frecuentes dentro de la muestra estudiada fueron el 7 y el 14. Sin embargo, han sido previamente descritos en la literatura.

Penta E

Un total de 713 individuos, de los cuales 70 correspondieron a individuos homocigotos y 643 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.014 y una probabilidad de discriminación de 0.985; El equilibrio de Hardy Weinberg en esta población de acuerdo a la prueba χ^2 arrojó un valor de 0.996,

Índice típico de paternidad de 5.092 un Índice de contenido de polimorfismo de 0.909 y un poder de exclusión de 0.799. Los alelos menos frecuentes dentro de la muestra estudiada, fueron el 6 y el 25.

D18S51

Un total de 1137 individuos, de los cuales 149 correspondieron a individuos homocigotos y 988 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.027 y una probabilidad de discriminación de 0.972 un Hardy Weinberg de 0.999 de acuerdo a la prueba estadística de χ^2 . Un índice típico de paternidad de 3.815 un Índice de contenido de polimorfismo de 0.864 y una poder de exclusión de 0.732. Los alelos menos frecuentemente encontrados en la población estudiada para este sistema fueron el 23, el 24 y el 25.

D21S11

Un total de 1125 individuos, de los cuales 180 correspondieron a individuos homocigotos y 945 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.048 y una probabilidad de discriminación de 0.951 un Hardy Weinberg de 0.986 de acuerdo a la prueba estadística de χ^2 . Un índice típico de paternidad de 3.125 un Índice de contenido de polimorfismo de 0.808 y una poder de exclusión de 0.675. Los alelos menos frecuentes en la población estudiada fueron los alelos 24, 35, 2 y el 36.

THO1

Un total de 1136 individuos, de los cuales 268 correspondieron a individuos homocigotos y 868 a heterocigotos, con una probabilidad de apareamiento de 0.095 y una probabilidad de discriminación de 0.904 un Hardy Weinberg de 0.712 de acuerdo a la prueba χ^2 . Un índice típico de paternidad de 2.119 un índice de contenido de polimorfismo de 0.722 y un poder de exclusión de 0.534. El alelo menos frecuente encontrado en la muestra fue el 11.

D3S1358

Un total de 1120 individuos, de los cuales 303 correspondieron a individuos homocigotos y 817 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.110 y una probabilidad de discriminación de 0.889 un Hardy Weinberg de 0.997 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 .

Se observó un índice típico de paternidad de 1.848 un Índice de contenido de polimorfismo de 0.696 y una probabilidad de exclusión de 0.475. Los alelos menos frecuentemente encontrados fueron el 12 y el 20.

FGA

Un total de 1130 individuos, de los cuales 130 correspondieron a individuos homocigotos y 1000 a heterocigotos, con una probabilidad de apareamiento de 0.029 y una probabilidad de discriminación de 0.970 un Hardy Weinberg de 0.999 según el estadístico de prueba χ^2 ; un índice típico de paternidad de 4.346 un índice de contenido de polimorfismo de 0.861 y una probabilidad de exclusión de 0.764. Los alelos menos frecuentemente encontrados fueron el 20.2 y el 29.

TPOX

Un total de 1117 individuos, de los cuales 380 correspondieron a individuos homocigotos y 737 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.159 y una probabilidad de discriminación de 0.840 un Hardy Weinberg de 0.998 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 ; índice típico de paternidad de 1.46 un índice de contenido de polimorfismo de 0.616 y una probabilidad de exclusión de 0.368. Los alelos menos frecuentes en la muestra estudiada fueron el 12 y el 15.

D8S1179

Un total de 1136 individuos, de los cuales 250 correspondieron a individuos homocigotos y 886 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.071 y una probabilidad de discriminación de 0.928 un índice típico de paternidad de 2.272 un Hardy Weinberg de 0.999 por prueba estadística de χ^2 , un índice de contenido de polimorfismo de 0.765 y un poder de exclusión de 0.562. Las frecuencias alélicas más bajas para este sistema fueron para los alelos 8 y 9

vWA

Un total de 958 individuos, de los cuales 219 correspondieron a individuos homocigotos y 739 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.088 y una probabilidad de discriminación de 0.911 un índice típico de paternidad de 2.18 un Hardy Weinberg de 0.999 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 un índice de contenido de polimorfismo de 0.734 y un poder de exclusión de 0.547. Los alelos menos frecuentes fueron el 11 y el 21.

F13A01

Un total de 31 individuos, de los cuales 7 correspondieron a individuos homocigotos y 24 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.098 y una probabilidad de discriminación de 0.901; un índice típico de paternidad 2.214, un Hardy Weinberg de 0.286 haciendo uso de la prueba estadística de χ^2 un índice de contenido de polimorfismo de 0.765 y un poder de exclusión de 0.552.

FESFPS

Un total de 32 individuos, de los cuales 7 correspondieron a individuos homocigotos y 25 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.205 y una probabilidad de discriminación de 0.794 un índice típico de paternidad de 2.285 un Hardy Weinberg de 0.997 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 un índice de contenido de polimorfismo de 0.628 y un poder de exclusión de 0.564.

F13B

Un total de 34 individuos, de los cuales 10 correspondió a individuos homocigotos y 24 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.141 y una probabilidad de discriminación de 0.858 un Hardy Weinberg de 0.914 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 . Un índice típico de paternidad 1.7; un índice de contenido de polimorfismo de 0.668 y un poder de exclusión de 0.437. El alelo menos frecuente fue el 7.

LPL

Un total de 33 individuos, de los cuales 11 correspondieron a individuos homocigotos y 22 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.217 y una probabilidad de discriminación de 0.782 un Hardy Weinberg de 0.993 según la prueba estadística χ^2 ; un índice típico de paternidad de 1.5, un índice de contenido de polimorfismo de 0.553 y un poder de exclusión de 0.378.

D2S1338

Un total de 445 individuos, de los cuales 79 correspondieron a individuos homocigotos y 366 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.031 y una probabilidad de discriminación de 0.968 un Hardy Weinberg de 0.505 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 . Un índice típico de paternidad de 2.816 un índice de contenido de polimorfismo de 0.855 y un poder de exclusión de 0.641. El alelo menos frecuentemente encontrado en esta muestra poblacional fue el 27.

D19S433

Un total de 293 individuos, de los cuales 44 correspondieron a individuos homocigotos y 249 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.056 y una probabilidad de discriminación de 0.943 un Hardy Weinberg 0.251 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 .

Un índice típico de paternidad de 3.32 un índice de contenido de polimorfismo de 0.803 y una poder de exclusión de 0.694. El alelo menos frecuente para este sistema en la muestra, fue el 17.

NARIÑO

Penta D

Para la evaluación de este sistema, se contó con 143 individuos, de los cuales 23 fueron homocigotos y 120 heterocigotos. Las frecuencias menos elevadas se observaron en los alelos 2.2 y 15; los cuales han sido previamente descritos en la población mundial y en Colombia, de acuerdo a lo observado en otros trabajos que describen a este sistema en esta región geográfica.

Para este sistema, la probabilidad de emparejamiento fue de 0.071. El poder de discriminación fue de 0.928. Similar a lo descrito por otros autores.

El índice de contenido de polimorfismo para este locus fue de 0.788 y el índice de Hardy Weinberg fue 0.834. El poder de exclusión fue de 0.673 y el índice típico de paternidad encontrado fue de 3.108.

CSF1PO

Un total de 246 individuos se evaluaron para este sistema, de los cuales 67 correspondieron a individuos homocigotos y 179 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.133 y una probabilidad de discriminación de 0.866 un índice típico de paternidad de 1.835 un Hardy Weinberg de 0.739 utilizando como estadístico de prueba el χ^2 que es observado en varias de las publicaciones consultadas. Se observó un Índice de contenido de polimorfismo de 0.788 y una poder de discriminación de 0.673. Para este sistema, las frecuencias alélicas más bajas se observaron para los alelos 9 y 14.

D16S539

Un total de 247 individuos, de los cuales 56 correspondieron a individuos homocigotos y 191 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.080 lo que indica que el 8.0 % de la población estudiada comparte el genotipo para este sistema, se determinó una probabilidad de discriminación de 0.919 un índice típico de paternidad de 2.205 un Hardy Weinberg de 0.998 utilizando como estadístico de prueba el χ^2 . Un Índice de contenido de polimorfismo para este locus de 0.750 y un poder de exclusión de 0.550.

Para este sistema las frecuencias alélicas más bajas se encontraron en los alelos 8 y 14.

D7S820

Un total de 242 individuos, de los cuales 66 correspondieron a individuos homocigotos y 176 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.081 y una probabilidad de discriminación de 0.918 un Hardy Weinberg de 0.763 utilizando como estadístico de prueba el χ^2 .

El índice típico de paternidad de 1.833 Se estableció un índice de contenido de polimorfismo de 0.745 para este locus y un poder de exclusión de 0.471. Los alelos menos frecuentemente encontrados en esta población fueron el 7 y el 13, los cuales se encuentran descritos mundialmente y además se han observado en la población Colombiana.

D13S317

Un total de 244 individuos, de los cuales 41 correspondieron a individuos homocigotos y 203 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.058 y una probabilidad de discriminación de 0.941, un Hardy Weinberg de 0.969 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 . El índice típico de paternidad de 2.97 un índice de contenido de polimorfismo para este locus de 0.798 y un poder de exclusión de 0.659. Los alelos menos frecuentemente encontrados en la población estudiada fueron el 8, y el 15.

D5S818

Un total de 235 individuos, de los cuales 57 correspondieron a individuos homocigotos y 178 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.103 y una probabilidad de discriminación de 0.896 un índice típico de paternidad de 2.061 un Hardy Weinberg de 0.895 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 ; un Índice de contenido de polimorfismo de 0.704 y un poder de exclusión de 0.522. Para este sistema, los alelos menos frecuentes dentro de la muestra estudiada fueron el 7 y el 14. Sin embargo, han sido previamente descritos en la literatura.

Penta E

Un total de 146 individuos, de los cuales 13 correspondieron a individuos homocigotos y 133 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.018 y una probabilidad de discriminación de 0.981; El equilibrio de Hardy Weinberg en esta población de acuerdo a la prueba χ^2 arrojó un valor de 0.999, Índice típico de paternidad de 5.615 un Índice de contenido de polimorfismo de 0.904 y un poder de exclusión de 0.817. Los alelos menos frecuentes dentro de la muestra estudiada, fueron el 6 y el 23.

D18S51

Un total de 243 individuos, de los cuales 50 correspondieron a individuos homocigotos y 193 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.042 y una probabilidad de discriminación de 0.957 un Hardy Weinberg de 0.351 de acuerdo a la prueba estadística de χ^2 . Un índice típico de paternidad de 3.815 un Índice de contenido de polimorfismo de 0.830 y una poder de exclusión de

0.588. Los alelos menos frecuentemente encontrados en la población estudiada para este sistema fueron el 23, el 24 y el 25.

D21S11

Un total de 239 individuos, de los cuales 44 correspondieron a individuos homocigotos y 195 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.060 y una probabilidad de discriminación de 0.939 un Hardy Weinberg de 0.964 de acuerdo a la prueba estadística de χ^2 . Un índice típico de paternidad de 2.71 un Índice de contenido de polimorfismo de 0.798 y una poder de exclusión de 0.628. Los alelos menos frecuentes en la población estudiada fueron los alelos 25, 35 y el 35,2.

THO1

Un total de 247 individuos, de los cuales 61 correspondieron a individuos homocigotos y 186 a heterocigotos, con una probabilidad de apareamiento de 0.109 y una probabilidad de discriminación de 0.890 un Hardy Weinberg de 0.765 de acuerdo a la prueba χ^2 . Un índice típico de paternidad de 2.024 un índice de contenido de polimorfismo de 0.719 y un poder de exclusión de 0.514. El alelo menos frecuente encontrado en la muestra fue el 5.

D3S1358

Un total de 237 individuos, de los cuales 87 correspondieron a individuos homocigotos y 150 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.150 y una probabilidad de discriminación de 0.849 un Hardy Weinberg de 0.938 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 . Se observó un índice típico de paternidad de 1.362 un Índice de contenido de polimorfismo de 0.634 y una probabilidad de exclusión de 0.332. Los alelos menos frecuentemente encontrados fueron el 13 y el 19.

FGA

Un total de 245 individuos, de los cuales 27 correspondieron a individuos homocigotos y de 218 heterocigotos, con una probabilidad de apareamiento de 0.032 y una probabilidad de discriminación de 0.967 un Hardy Weinberg de 0.989 según el estadístico de prueba χ^2 ; un índice típico de paternidad de 4.537 un índice de contenido de polimorfismo de 0.861 y una probabilidad de exclusión de 0.774. Los alelos menos frecuentemente encontrados fueron el 18 y el 28.

TPOX

Un total de 245 individuos, de los cuales 92 correspondieron a individuos homocigotos y 143 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.190 y una probabilidad de discriminación de 0.809 un Hardy Weinberg inferior a 0.001 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 ; índice típico de paternidad de 1.277 un índice de contenido de polimorfismo de 0.589 y una probabilidad de exclusión de 0.301. Los alelos menos frecuentes en la muestra estudiada fueron el 8 y el 15.

D8S1179

Un total de 243 individuos, de los cuales 38 correspondieron a individuos homocigotos y 205 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.070 y una probabilidad de discriminación de 0.929 un índice típico de paternidad de 3.197 un Hardy Weinberg de 0,999 por prueba estadística de χ^2 ; un índice de contenido de polimorfismo de 0.774 y un poder de exclusión de 0.682. Las frecuencias alélicas más bajas para este sistema fueron para los alelos 8 y 17.

vWA

Un total de 173 individuos, de los cuales 43 correspondieron a individuos homocigotos y 130 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.101 y una probabilidad de discriminación de 0.898 un índice típico de paternidad de 2.011 un Hardy Weinberg de 0.999 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 un índice de contenido de polimorfismo de 0.712 y un poder de exclusión de 0.512. Los alelos menos frecuentes fueron el 11 y el 12.

F13A01

Un total de 2 individuos, de los cuales 0 correspondieron a individuos homocigotos y 2 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.5 y una probabilidad de discriminación de 0.5; un índice típico de paternidad no calculable, un Hardy Weinberg de 0.931 haciendo uso de la prueba estadística de χ^2 un índice de contenido de polimorfismo de 0.554 y un poder de exclusión de 1.

FESFPS

Un total de 2 individuos, de los cuales 1 correspondió a individuos homocigotos y 1 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.5 y una probabilidad de discriminación de 0.5 un índice típico de paternidad de 1 un Hardy Weinberg de 0.715 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 un índice de contenido de polimorfismo de 0.304 y un poder de exclusión de 0.187.

F13B

Un total de 2 individuos, de los cuales 0 correspondió a individuos homocigotos y 2 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.5 y una probabilidad de discriminación de 0.5 un Hardy Weinberg de 0.689 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 . Un índice típico de paternidad no calculable; un índice de contenido de polimorfismo de 0.554 y un poder de exclusión de 1. El alelo menos frecuente fue el 12.

LPL

Un total de 2 individuos, de los cuales 1 correspondieron a individuos homocigotos y 1 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.5 y una probabilidad de discriminación de 0.5 un Hardy Weinberg de 0.715 según la prueba estadística χ^2 ; un índice típico de paternidad de 1, un índice de contenido de polimorfismo de 0.304 y un poder de exclusión de 0.187.

D2S1338

Un total de 103 individuos, de los cuales 16 correspondieron a individuos homocigotos y 87 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.046 y una probabilidad de discriminación de 0.953 un Hardy Weinberg de 0.990 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 . Un índice típico de paternidad de 3.218 un índice de contenido de polimorfismo de 0.823 y un poder de exclusión de 0.684. El alelo menos frecuentemente encontrado en esta muestra poblacional fue el 16.

D19S433

Un total de 70 individuos, de los cuales 10 correspondieron a individuos homocigotos y 60 a heterocigotos, con una probabilidad de emparejamiento de 0.055 y una probabilidad de discriminación de 0.944 un Hardy Weinberg 0.999 de acuerdo al estadístico de prueba χ^2 .

Un índice típico de paternidad de 3.5 un índice de contenido de polimorfismo de 0.833 y una poder de exclusión de 0.708. El alelo menos frecuente para este sistema en la muestra, fue el 11.

Las tablas de resultados obtenidos de la muestra seleccionada se pueden observar en las tablas ubicadas en los anexos.

6 DISCUSIÓN

El desarrollo de un paquete informático ideal para el análisis y generación de estadísticos de genética en poblaciones, implica tener en cuenta el manejo de una gran cantidad de registros, de una interfaz de usuario comprensible, así como compatibilidad con los programas de ofimática más comúnmente encontrados en cualquier computador; del mismo modo requiere hacer uso de la mínima cantidad de memoria RAM y ocupar el mínimo espacio de disco duro posible.

Al evaluar los resultados obtenidos y confrontarlos con las tablas de frecuencias y los valores de referencia para STRs estudiados en población Colombiana y descritos a nivel mundial, pudo observarse que existen similitudes entre los datos observados en el presente estudio y lo descrito para la mayor parte de los sistemas. Sin embargo, se presentaron limitaciones a la hora de realizar comparaciones con algunos sistemas como LPL, F13B, FESFPS y F13A01, debido a que no se encontraron muchos datos de análisis de estos sistemas para Colombia dentro del proceso de búsqueda bibliográfica y al bajo número de muestras estudiadas para los sistemas mencionados, en los cuales el n muestral no superó a los 100 individuos.

Otro elemento importante es la existencia dentro de la documentación estudiada, de una hegemonía en el uso del estadístico de prueba λ^2 aún a pesar de las descripciones realizadas por algunos matemáticos de su preferencia por el Test de Fisher o la cadena de Markov para establecer la existencia o no de equilibrio de HW en muestras poblacionales para el estudio de STRs. Sin embargo, luego de varias revisiones, se determinó que esta prueba estadística permitía realizar comparaciones más precisas con los trabajos realizados por otros autores en muestras poblacionales de la misma procedencia, con el fin de analizar los resultados.

Realizar una comparación entre los resultados obtenidos por el test de λ^2 y los obtenidos mediante la aplicación de la cadena de Markov no son equiparables, puesto que en la cadena los resultados varían a cada prueba puesto ella se basa en tomar muestras al azar dentro de una matriz de datos y a partir de ellas, generar progresiones para establecer en este caso, la existencia de equilibrio de HW en las frecuencias alélicas observadas.

Dentro de los sistemas STR más comúnmente descritos en las publicaciones realizadas en Colombia, y que presentan un elevado poder de discriminación, sobresalen el Penta E, el D3S1358 y el FGA, para los cuales dentro del presente trabajo, se obtuvieron tamaños muestrales superiores a 1000 individuos y que arrojaron poderes de discriminación superiores al 0,96, lo cual los hace sistemas favorables para poder adelantar procesos de identificación y filiación dentro de esta población; además de presentar un elevado PIC asociado con un polimorfismo elevado; distinto a lo observado con el sistema TPOX del cual con una muestra consistente en 2333 individuos, solamente se obtuvo un poder de discriminación de 0,84 y un PIC de 0,617.

Para sistemas como LPL, F13B, FESFPS y F13A01, se sugiere realizar estudios posteriores incrementando el tamaño de muestra, con el fin de poder incrementar la confiabilidad en el valor estadístico obtenido; otro elemento que influye en los resultados

observados en estos STRs, es el reducido polimorfismo que pudo detectarse para estos sistemas.

Un hecho observado al realizar las pruebas piloto de alimentación de la base de datos y verificación del funcionamiento de los módulos de cálculo estadístico, fue la confirmación del efecto del tamaño de muestra que iba disminuyendo en la medida que se incrementaba el número de datos alimentado en el programa, para darle paso a una influencia mucho mayor al nivel de polimorfismo observado para cada sistema.

Al evaluar los resultados obtenidos por Paredes y colaboradores, se aprecian frecuencias alélicas muy similares a las obtenidas en la base de datos procesada en Lustró Ver. 1.1 dado que, se agruparon los datos según la distribución poblacional sugerida en la publicación, a pesar de que las referencias bibliográficas citadas para tomar esta decisión son de predominio histórico. (62)

Los resultados de las frecuencias alélicas reportadas por Yunis y colaboradores, también presentan similitud con las observadas en la base de datos estudiada aun a pesar de la existencia de una diferencia en el número de individuos dentro de cada muestra estudiada la cual en este caso, fue distribuida por departamentos. (63)

Todos los indicadores son similares exceptuando la estimación de equilibrio de H W, basado en el tipo de prueba estadística que es posible realizar en un programa construido en el lenguaje Visual Basic®.

7 ANEXOS

El material catalogado como anexos, está constituido por las tablas de resultados de las poblaciones estudiadas y el manual de instrucciones para la operación del programa lustro.

Anexo A Frecuencias 21 STRs Colombia.

	Penta D	CSF1PO	D16S539	D7S820	D13S317	D5S818	Penta E	D18S51	D21S11	TH01	D3S1358	FGA	TPOX	D8S1179	VWA	F13A01	FESFPS	F13B	LPL	D2S1338	D19S433
2																					
2,2	0,01009047																				
3,2	0,00034795																				
4										0,0004207						0,19230769					
5	0,00208768		0,00021017				0,04101839			0,0004207				0,00021079		0,16346154					
6				0,0008507			0,00176803			0,35433837			0,00407201			0,17307692					
7	0,00626305	0,00338553		0,01403658	0,00042105	0,03651805	0,09016973			0,24169121			0,00085727	0,00021079		0,19230769		0,1			
7,3										0,00021035						0,23076923		0,01666667			
8	0,01948504	0,00507829	0,01134931	0,09719268	0,09010526	0,00552017	0,01874116			0,08140513			0,47835405	0,00442664			0,01754386	0,2			
9	0,1809325	0,01460008	0,13934426	0,08868567	0,17052632	0,07834395	0,0102546	0,00126156		0,13588557			0,06643806	0,00716695				0,31666667	0,04310345		
9,3										0,17669331											
10	0,23382046	0,23423614	0,18074821	0,27094853	0,05663158	0,05626327	0,05339463	0,00567704		0,00862432			0,04436348	0,06892917		0,01923077	0,24561404	0,36666667	0,56034483		0,00077399
11	0,19032707	0,29052052	0,24989491	0,2911527	0,21221053	0,41146497	0,08168317	0,00883095		0,00021035	0,00021395		0,29211316	0,07883642	0,00151057		0,46491228		0,15517241		0,00773994
12	0,14161447	0,3798138	0,26944094	0,20012761	0,27178947	0,28195329	0,16513437	0,11059714			0,00064185		0,10780111	0,13406408	0,00125881	0,00961538	0,19298246		0,20689655		0,06733746
12,2	0,00034795																				0,01160991
13	0,14544189	0,06220906	0,12883565	0,03147597	0,12694737	0,12101911	0,09193777	0,11459209			0,00278134		0,00450064	0,31998314	0,00478348		0,07017544		0,03448276		0,23297214
13,2							0,00070721	0,0010513													0,09674923
14	0,05358386	0,0093102	0,01912568	0,00510421	0,06947368	0,00849257	0,07850071	0,19070648			0,089003		0,00107158	0,23988196	0,07099698	0,00961538	0,00877193				0,27244582
14,2																					0,04102167
15	0,00974252	0,00084638	0,00105086	0,00021268	0,00189474	0,00021231	0,10466761	0,14949537			0,39944373		0,00042863	0,11319562	0,09315206	0,00961538					0,15479876
15,2																					0,05727554
16	0,00521921					0,00021231	0,0678925	0,12783852			0,27299957			0,03014334	0,34315206				0,03657315		0,03637771
16,2																				0,00851393	
17	0,00034795						0,03606789	0,14150547			0,1296534	0,00274262		0,0029511	0,27467271				0,1993988		0,00386997
17,2																					0,00154799
18	0,00034795						0,03854314	0,058873			0,09927257	0,01139241			0,15458207				0,05711423		
18,2												0,00063291									
19							0,03889675	0,03385198			0,00556269	0,06687764			0,04833837				0,1743487		
20							0,03429986	0,03259041			0,0004279	0,08059072			0,0060423				0,13026052		
20,2												0,00084388									
21							0,0261669	0,00883095				0,11962025			0,00151057				0,0245491		
22							0,0155587	0,00756939				0,13333333							0,08867735		
22,2												0,00084388									
23							0,00212164	0,00357443				0,13438819							0,14729459		
23,2												0,00063291									
24							0,00212164	0,00189235				0,15801688							0,07264529		
24,2									0,00042589			0,00021097									
25							0,00035361	0,00063078				0,16561181							0,05661323		
26									0,00212947			0,09367089							0,01052104		
27								0,00021026	0,01405451			0,0242616							0,00200401		
28									0,09561329			0,00527426									
28,2									0,00021295												
29									0,2197615				0,00063291								
30									0,28194208			0,00021097									
31									0,06111584												
31,2									0,09689097												
32									0,01426746												
32,2									0,13436968												
33									0,00170358												
33,2									0,04791312												
34									0,00106474												
34,2									0,0036201												
35									0,00255537												
35,2									0,00042589												
36									0,00042589												

(Continuación Anexo A).

n	1437	2363	2379	2351	2375	2355	1414	2378	2348	2377	2337	2370	2333	2372	1986	52	57	60	58	998	646
Homos	248	736	486	541	459	635	133	334	400	552	632	290	812	479	459	9	14	13	18	161	106
Hetero	1189	1627	1893	1810	1916	1720	1281	2044	1948	1825	1705	2080	1521	1893	1527	43	43	47	40	837	540
Fhomo	0,17258177	0,31146847	0,20428752	0,23011484	0,19326316	0,26963907	0,09405941	0,14045416	0,17035775	0,23222549	0,27043218	0,12236287	0,34804972	0,20193929	0,23111782	0,17307692	0,24561404	0,21666667	0,31034483	0,16132265	0,16408669
Fhetero	0,82741823	0,68853153	0,79571248	0,76988516	0,80673684	0,73036093	0,90594059	0,85954584	0,82964225	0,76777451	0,72956782	0,87763713	0,65195028	0,79806071	0,76888218	0,82692308	0,75438596	0,78333333	0,68965517	0,83867735	0,83591331
Homoe	241,933194	679,917901	485,856032	509,60336	428,103579	645,708705	118,291018	300,547309	402,037053	571,497897	627,975182	291,609072	775,010502	480,742201	463,163142	9,59615385	18,1842105	17,1	22,2672414	130,222946	111,745356
Heteroe	1195,06681	1683,0821	1893,14397	1841,39664	1946,89642	1709,2913	1295,70898	2077,45269	1945,96295	1805,5021	1709,02482	2078,39093	1557,9895	1891,2578	1522,83686	42,4038462	38,8157895	42,9	35,7327586	867,777054	534,254644
Fhomoe	0,16835991	0,28773504	0,204227	0,21676026	0,18025414	0,27418629	0,08365701	0,12638659	0,17122532	0,24042823	0,26870996	0,1230418	0,33219481	0,20267378	0,23321407	0,18454142	0,31902124	0,285	0,38391795	0,13048391	0,17298043
Fheteroe	0,83164009	0,71226496	0,795773	0,78323974	0,81974586	0,72581371	0,91634299	0,87361341	0,82877468	0,75957177	0,73129004	0,8769582	0,66780519	0,79732622	0,76678593	0,81545858	0,68097876	0,715	0,61608205	0,86951609	0,82701957
MP	0,05065403	0,13220586	0,07198601	0,0783809	0,05728886	0,11617672	0,01345806	0,02907717	0,04862633	0,09703548	0,11254257	0,02812299	0,15879747	0,06956902	0,09086364	0,07988166	0,17082179	0,14722222	0,19084423	0,0312569	0,05378179
PD	0,94934597	0,86779414	0,92801399	0,9216191	0,94271114	0,88382328	0,98654194	0,97092283	0,95137367	0,90296452	0,88745743	0,97187701	0,84120253	0,93043098	0,90913636	0,92011834	0,82917821	0,85277778	0,80915577	0,9687431	0,94621821
HW	0,9999999	0,99999993	0,99999999	0,9997648	0,98040896	0,99999999	0,99999999	0,99999999	0,99999999	0,99999999	0,99999999	0,99999999	3,9813E-42	0,99999999	0,99999999	0,14990579	0,99627791	0,99785815	0,89068783	0,99999999	0,99999866
TPI	2,89717742	1,60529891	2,44753086	2,1728281	2,58714597	1,85433071	5,31578947	3,55988024	2,935	2,15307971	1,84889241	4,0862069	1,43657635	2,47599165	2,16339869	2,88888889	2,03571429	2,30769231	1,61111111	3,09937888	3,04716981
PIC	0,80952601	0,66043312	0,76495455	0,75058636	0,79594383	0,68588309	0,91046861	0,86046657	0,80862501	0,72231994	0,69053987	0,86418114	0,61725121	0,7705936	0,73263211	0,7885859	0,63097279	0,66360602	0,56969347	0,85586626	0,8062506
PE	0,65087705	0,41074272	0,59110679	0,54439534	0,61160287	0,47677601	0,80757206	0,71376336	0,65516062	0,54066297	0,47546981	0,75000396	0,35790308	0,59544565	0,54262007	0,64992488	0,51729969	0,56848229	0,41243911	0,67267497	0,66729819

n: Total de individuos para el sistema estudiado; Homos: Homocigotos; Hetero: Heterocigotos; Fhomo: Frecuencia de Homocigotos; Fhetero: Frecuencia de heterocigotos; Homoe: Homocigotos esperados; Heteroe: Heterocigotos esperados; MP: Probabilidad de coincidencia; PD: Poder de discriminación; HW: Hardy Weinberg prueba estadística χ^2 ; TPI: Índice Típico de Paternidad; PIC: Contenido de Información de Polimorfismo; PE: Probabilidad de Exclusión.

Anexo B Frecuencias 21 STRs Cundinamarca.

	Penta D	CSF1PO	D16S539	D7S820	D13S317	D5S818	Penta E	D18S51	D21S11	TH01	D3S1358	FGA	TPOX	D8S1179	vWA	F13A01	FESFPS	F13B	LPL	D2S1338	D19S433
2																					
2,2	0,00413793																0,19354839				
3,2	0,00068966																0,17741935				
4										0,00044014							0,17741935				
5	0,00275862						0,03786816										0,22580645				
6				0,00133097			0,00070126			0,35871479				0,00447628				0,10294118			
7	0,00413793	0,00221043		0,01286602	0,00044014	0,03549246	0,09396914			0,23019366				0,00044763			0,22580645	0,02941176			
7,3																					
8	0,01517241	0,00353669	0,01189427	0,09849157	0,09859155	0,00532387	0,01753156			0,08098592				0,47135184	0,0022007		0,015625	0,19117647			
9	0,18	0,01591512	0,13259912	0,09671695	0,16021127	0,07275954	0,00981767	0,00131926		0,14392606	0,06177261			0,00880282				0,27941176	0,01515152		
9,3										0,17825704											
10	0,23793103	0,22325376	0,17885463	0,2675244	0,05853873	0,05590062	0,05960729	0,00615655		0,00704225				0,04521038	0,0602993		0,25	0,39705882	0,56060606		
11	0,19655172	0,28779841	0,26299559	0,29503106	0,21302817	0,41614907	0,085554	0,01055409		0,00044014				0,30214861	0,07790493	0,00104384	0,453125		0,21212121		0,00853242
12	0,14551724	0,39610964	0,26519824	0,19476486	0,28565141	0,27417924	0,16619916	0,11433597			0,00044643			0,10966876	0,14260563	0,00156576	0,21875		0,18181818		0,07167235
12,2	0,00068966																				0,00853242
13	0,13793103	0,06145004	0,13039648	0,02839397	0,11619718	0,13132209	0,09467041	0,11829376		0,00089286				0,00358102	0,33054577	0,00574113		0,046875	0,03030303		0,25085324
13,2								0,00131926													0,10921502
14	0,05724138	0,00795756	0,01718062	0,00443656	0,06602113	0,00887311	0,08204769	0,17194371		0,08928571				0,00089526	0,23239437	0,06680585	0,015625				0,25767918
14,2																					0,03924915
15	0,01034483	0,00176835	0,00088106		0,00132042		0,09887798	0,13676341		0,37232143				0,00044763	0,1131162	0,08768267					0,15017065
15,2																					0,04948805
16	0,0062069						0,06171108	0,13588391		0,29553571					0,0290493	0,33455115				0,03483146	0,03754266
16,2																					0,00682594
17	0,00068966						0,03997195	0,14819701		0,13303571	0,00265487			0,00308099	0,27557411					0,21011236	0,00511945
17,2																					
18							0,03927069	0,0646438		0,10178571	0,01150442				0,16805846					0,05842697	
18,2																					
19							0,0371669	0,03737907		0,00625	0,06150442				0,05271399					0,15617978	
20							0,02664797	0,03078276		0,00044643	0,08274336				0,00417537					0,12359551	
20,2																					
21							0,02734923	0,00923483								0,00208768				0,02247191	
22							0,01472651	0,00747581												0,08651685	
22,2																					
23							0,00210379	0,00351803												0,16179775	
23,2																					
24							0,00350631	0,00175901						0,16106195						0,07078652	
24,2									0,00044444					0,00044248							
25							0,00070126	0,00043975	0,00133333					0,1699115						0,05730337	
26									0,00177778					0,09159292						0,01573034	
27									0,016					0,02168142						0,00224719	
28									0,10266667					0,00353982							
28,2																					
29									0,208			0,00088496									
30									0,29377778												
31									0,06088889												
31,2									0,10133333												
32									0,01466667												
32,2									0,12133333												
33									0,00177778												
33,2									0,04577778												
34									0,00044444												
34,2									0,00311111												
35									0,00266667												
35,2									0,00044444												
36									0,00044444												

(Continuación Anexo B).

n	725	1131	1135	1127	1136	1127	713	1137	1125	1136	1120	1130	1117	1136	998	31	32	34	33	445	293
Homos	137	345	227	253	219	307	70	149	180	268	303	130	380	250	219	7	7	10	11	79	44
Hetero	588	786	908	874	917	820	643	988	945	868	817	1000	737	886	739	24	25	24	22	366	249
Phomo	0,188965517	0,305039788	0,2	0,224489796	0,19278169	0,272404614	0,098176718	0,131046614	0,16	0,235915493	0,270535714	0,115044248	0,340196956	0,220070423	0,228601253	0,225806452	0,21875	0,294117647	0,333333333	0,17752809	0,150170648
Fhetero	0,811034483	0,694960212	0,8	0,775510204	0,80721831	0,727595386	0,901823282	0,868953386	0,84	0,764084507	0,729464286	0,884955752	0,659803044	0,779929577	0,771398747	0,774193548	0,78125	0,705882353	0,666666667	0,82247131	0,849829352
Homoe	124,3662069	332,1591512	234,3876652	244,1015972	208,6249423	310,5599611	60,55974755	135,3905013	193,3808889	273,5083627	293,4799107	141,7353598	370,159803	235,1976232	221,3914405	6,274193548	10,1875	9,647058628	12,38494948	38,36518854	51,15388362
Heteroe	600,1337931	798,8408408	900,6123348	882,8994028	927,3675577	816,6406389	652,6402525	997,6204987	921,6191111	862,4016373	826,5200893	984,246402	746,840197	900,802768	736,6085295	24,7258045	21,8125	24,35294118	20,01515123	386,6348215	241,8464164
Phomoe	0,171539596	0,293686252	0,206508956	0,216594141	0,183654967	0,275385414	0,084656027	0,122594888	0,171894123	0,240764404	0,262035635	0,12544561	0,331387469	0,207040161	0,231097537	0,20239334	0,318393975	0,283737024	0,393480257	0,131157682	0,17489561
Fheteroe	0,828460404	0,706313748	0,793491044	0,783405859	0,816345033	0,724614586	0,915343973	0,877405012	0,828105877	0,759235596	0,737964365	0,87455439	0,668612531	0,792959839	0,768902463	0,79760666	0,681640625	0,716262976	0,606519743	0,868842318	0,82541439
MP	0,051962901	0,136251027	0,073905568	0,078186546	0,059817311	0,117599866	0,014515047	0,027730399	0,048813037	0,095787976	0,110543686	0,02963427	0,159912446	0,071445398	0,08873741	0,098855359	0,205078125	0,141868512	0,217630854	0,031758616	0,056995422
PD	0,948037099	0,863748973	0,926094432	0,921813454	0,940182689	0,882400134	0,985484953	0,972269601	0,951186963	0,904212024	0,889456314	0,97036573	0,840087554	0,928554602	0,91126259	0,901144641	0,794921875	0,858131488	0,782369146	0,968241384	0,943004578
HW	0,99999	0,999999	0,999982882	0,999999279	0,995564056	0,9999999	0,9999999	0,9999999	0,9999999	0,983476641	0,999997368	0,9999999	0,999994532	0,9999999	0,9999999	0,756956347	0,989028891	0,964973007	0,887197643	0,9999999	0,999314155
TPI	2,645985401	1,639130435	2,5	2,227272727	2,593607306	1,835504886	5,092857143	3,815486442	3,125	2,119402965	1,848184818	4,346153846	1,489736842	2,272	2,187214612	2,214289714	2,285714286	1,7	2,816455696	3,329545455	
PIC	0,805602777	0,654039677	0,762197104	0,750812761	0,7922997	0,68475749	0,909130328	0,864899724	0,808330445	0,722115341	0,696630736	0,861344936	0,616653468	0,765756901	0,734674982	0,765228348	0,618646135	0,668155501	0,553827721	0,855207957	0,803990468
PE	0,619677976	0,420506702	0,59904	0,554406563	0,612505197	0,472230241	0,799146471	0,732544288	0,675253555	0,534169663	0,475299442	0,764801398	0,368853508	0,562336548	0,547080032	0,552054932	0,564716756	0,437418698	0,378600923	0,64139072	0,694528063

n: Total de individuos para el sistema estudiado; Homos: Homocigotos; Hetero: Heterocigotos; Phomo: Frecuencia de Homocigotos; Fhetero: Frecuencia de heterocigotos; Homoe: Homocigotos esperados; Heteroe: Heterocigotos esperados; MP: Probabilidad de coincidencia; PD: Poder de discriminación; HW: Hardy Weinberg prueba estadística λ^2 ; TPI: Índice Típico de Paternidad; PIC: Contenido de Información de Polimorfismo; PE: Probabilidad de Exclusión.

Anexo C Frecuencias 21 STRs Nariño.

	Penta D	CSF1PO	D16S539	D7S820	D13S317	D5S818	Penta E	D18S51	D21S11	TH01	D3S1358	FGA	TPOX	D8S1179	vWA	F13A01	FESFPS	F13B	LPL	D2S1338	D19S433
2																					
2,2	0,00699301																				
3,2																					
4																					
5								0,0239726		0,00202429						0,25					
6								0,31578947		0,30364372											
7	0,0034965			0,01033058		0,06595745	0,07534247									0,5					
7,3																					
8	0,02097902		0,01214575	0,09297521	0,07377049	0,00212766	0,02054795			0,07287449			0,54042553	0,00205761				0,25			
9	0,22727273	0,00609756	0,14777328	0,07644628	0,20696721	0,1	0,00684932	0,00411523		0,11740891			0,05106383					0,25			
9,3										0,17408907											
10	0,26223776	0,29471545	0,20850202	0,24173554	0,04713115	0,06595745	0,02739726	0,00411523		0,01417004			0,03404255	0,11728395		0,25		0,5	0,75		
11	0,16083916	0,29065041	0,24291498	0,28719008	0,19057377	0,4212766	0,05136986	0,00617284					0,23191489	0,08024691	0,00289017		0,75				0,00714286
12	0,08041958	0,32113821	0,28744939	0,25206612	0,24385246	0,23404255	0,15068493	0,08024691					0,12553191	0,13786008	0,00289017				0,25		0,05
12,2																					0,01428571
13	0,17132867	0,07926829	0,09109312	0,0392562	0,16393443	0,10212766	0,08561644	0,10493827			0,0021097		0,00851064	0,32716049	0,01445087		0,25				0,2
13,2							0,00684932														0,09285714
14	0,05944056	0,00813008	0,01012146		0,06762295	0,00851064	0,06164384	0,26131687			0,08860759		0,00638298	0,20987654	0,07225434						0,24285714
14,2																					0,07857143
15	0,00699301				0,00614754		0,16780822	0,16666667			0,50421941		0,00212766	0,09053498	0,06647399						0,15
15,2																					0,09285714
16							0,05479452	0,11316872			0,21097046			0,02880658	0,35549133					0,02427184	0,04285714
16,2																					0,01428571
17							0,02054795	0,15432099			0,11603376	0,01020408		0,00617284	0,31213873					0,18932039	
17,2																					
18							0,05136986	0,04320988			0,07594937	0,00612245			0,12427746					0,07281553	
18,2																					
19							0,05479452	0,01646091			0,0021097	0,06122449			0,03757225					0,26699029	
20							0,07191781	0,01851852				0,05918367			0,01156069					0,12135922	
20,2																					
21							0,04109589	0,00823045				0,11428571								0,00970874	
22							0,0239726	0,01028807				0,13265306								0,06796117	
22,2																					
23							0,00342466	0,00205761					0,12040816							0,1407767	
23,2																					
24								0,00411523				0,16938776								0,07281553	
24,2																					
25								0,00205761												0,03398058	
26									0,00209205				0,17142857								
27									0,0083682				0,12040816								
28									0,05648536				0,0244898								
28,2													0,01020408								
29									0,26987448												
30									0,22175732												
31									0,05230126												
31,2									0,12343096												
32									0,0125523												
32,2									0,17991632												
33									0,00209205												
33,2									0,05230126												
34																					
34,2									0,00209205												
35									0,00209205												
35,2																					
36																					

(Continuación Anexo C).

n	143	246	247	242	244	235	146	243	239	247	237	245	235	243	173	2	2	2	2	103	70
Homos	23	67	56	66	41	57	13	50	44	61	87	27	92	38	43	0	1	0	1	16	10
Hetero	120	179	191	176	203	178	133	193	195	186	150	218	143	205	130	2	1	2	1	87	60
Fhomo	0,160839161	0,272357724	0,226720648	0,272727273	0,168032787	0,242553191	0,089041096	0,205761317	0,184100418	0,246963563	0,367088608	0,110204082	0,391489362	0,156378601	0,248554913	0	0,5	0	0,5	0,155339806	0,142857143
Fhetero	0,839160839	0,727642276	0,773279352	0,727272727	0,831967213	0,757446809	0,910958904	0,794238683	0,815899582	0,753036437	0,632911392	0,889795918	0,608510638	0,843621399	0,751445087	1	0,5	1	0,5	0,844660194	0,857142857
Homoe	26,62587413	69,08943089	53,22672065	53,3822314	43,375	61,44255319	12,94520548	37,15226337	42,71757322	59,65789474	77,22362869	30,82857143	85,8893617	48,44238683	43,36416185	0,75	1,25	0,75	1,25	16,34951456	10,49285714
Heteroe	116,3741259	176,9105691	193,7732794	188,6177686	200,625	173,5574468	133,0547945	205,8477366	196,2824268	187,3421053	159,7763713	214,1714286	149,1106383	194,5576132	129,6358382	1,25	0,75	1,25	0,75	86,65048544	59,50714286
Fhomoe	0,186194924	0,280851345	0,215492796	0,220587733	0,177766393	0,261457673	0,088665791	0,152889973	0,178734616	0,241529938	0,325838096	0,125830904	0,365486646	0,199351386	0,250659895	0,375	0,625	0,375	0,625	0,158733151	0,149897959
Fheteroe	0,813805076	0,719148655	0,784507204	0,779412267	0,822233607	0,738542327	0,911334209	0,847110027	0,821265384	0,758470062	0,674161904	0,874169096	0,634513354	0,800648614	0,749340105	0,625	0,375	0,625	0,375	0,841266849	0,850102041
MP	0,071152624	0,133055721	0,080397974	0,081005396	0,058720774	0,103956541	0,018389942	0,042456265	0,060590676	0,109737908	0,150919546	0,032236568	0,190040742	0,07043303	0,101339838	0,5	0,5	0,5	0,5	0,046281459	0,05102041
PD	0,928847376	0,866944279	0,919602026	0,918994604	0,941279226	0,896043459	0,981610058	0,957543735	0,939409324	0,890262092	0,849080454	0,967763432	0,809959258	0,92956697	0,898660162	0,5	0,5	0,5	0,5	0,953718541	0,944897959
HW	0,997779458	0,973540731	0,999999	0,9999936062	0,999999	0,999684176	0,999999	0,995873318	0,999997496	0,998307959	0,997747416	0,999999	4,39478E-25	0,999999	0,999999					0,999999	0,999999
TPI	3,108695652	1,835820896	2,205357143	1,833333333	2,975609756	2,061403509	5,615384615	2,43	2,715909091	2,024590164	1,362068966	4,537037037	1,277173913	3,197368421	2,011627907	1		1	3,21875	3,5	
PIC	0,788119028	0,665627057	0,750814863	0,745118994	0,798100285	0,704926266	0,904944648	0,83006694	0,798347306	0,719715556	0,634885201	0,860949901	0,589381013	0,774963916	0,712260231	0,5546875	0,3046875	0,5546875	0,3046875	0,8231256	0,833414041
PE	0,673617128	0,472307107	0,550425093	0,471701511	0,65965048	0,52259277	0,817859212	0,588391188	0,628875019	0,51497515	0,332248541	0,774624941	0,301217583	0,682332241	0,512241337	1	0,1875	1	0,1875	0,684367683	0,708990302

n: Total de individuos para el sistema estudiado; Homos: Homocigotos; Hetero: Heterocigotos; Fhomo: Frecuencia de Homocigotos; Fhetero: Frecuencia de heterocigotos; Homoe: Homocigotos esperados; Heteroe: Heterocigotos esperados; MP: Probabilidad de coincidencia; PD: Poder de discriminación; HW: Hardy Weinberg prueba estadística χ^2 ; TPI: Índice Típico de Paternidad; PIC: Contenido de Información de Polimorfismo; PE: Probabilidad de Exclusión.

Anexo D Frecuencias de 21 STRs en Costa Atlántica.

	Penta D	CSF1PO	D16S539	D7S820	D13S317	D5S818	Penta E	D18S51	D21S11	TH01	D3S1358	FGA	TPOX	D8S1179	vWA	F13A01	FESFPS	F13B	LPL	D2S1338	D19S433
2																					
2,2	0,02380952																				
3,2																					
4																					
5	0,01190476						0,04651163			0,00746269					0,5						
6										0,35074627					0,5			0,16666667			
7	0,02380952	0,01492537					0,09302326			0,19402985											
7,3																					
8	0,05952381		0,02985075	0,13076923	0,08208955	0,00746269	0,05813953			0,11940299			0,50746269	0,01492537				0,33333333			
9	0,20238095	0,02238806	0,12686567	0,10769231	0,08208955	0,07462687	0,02325581			0,1641791			0,03731343					0,5	0,25		
9,3										0,15671642											
10	0,20238095	0,26119403	0,17164179	0,28461538	0,02985075	0,05223881	0,08139535			0,00746269			0,04477612	0,10447761					0,5		
11	0,13095238	0,32089552	0,28358209	0,23846154	0,24626866	0,2761194	0,04651163	0,00769231			0,00757576		0,32089552	0,01492537	0,00862069		0,66666667				
12	0,11904762	0,31343284	0,23880597	0,2	0,28358209	0,3880597	0,19767442	0,13076923					0,08955224	0,11940299			0,33333333		0,25		0,05555556
12,2																					0,03703704
13	0,1547619	0,05970149	0,12686567	0,03076923	0,15671642	0,19402985	0,06976744	0,10769231						0,28358209							0,2037037
13,2																					0,07407407
14	0,04761905	0,00746269	0,01492537	0,00769231	0,11940299		0,11627907	0,16923077			0,0530303			0,2761194	0,09482759						0,37037037
14,2																					0,05555556
15	0,01190476		0,00746269			0,00746269	0,06976744	0,19230769			0,37878788			0,13432836	0,12068966						0,09259259
15,2																					0,05555556
16	0,01190476						0,04651163	0,12307692			0,28787879			0,04477612	0,30172414					0,06896552	0,03703704
16,2																					0,01851852
17							0,03488372	0,08461538			0,14393939			0,00746269	0,19827586					0,17241379	
17,2																					
18							0,03488372	0,06153846			0,09848485	0,01492537			0,1637931					0,13793103	
18,2																					
19							0,01162791	0,03846154			0,02272727	0,08955224			0,10344828					0,0862069	
20							0,03488372	0,03846154			0,00757576	0,07462687			0,00862069					0,12068966	
20,2																					
21							0,01162791	0,01538462				0,13432836								0,03448276	
22							0,02325581	0,01538462				0,09701493								0,01724138	
22,2																					
23								0,01538462													0,13793103
23,2																					
24																					0,10344828
24,2																					
25																					0,0862069
26												0,17910448								0,01724138	
27									0,01515152			0,02985075								0,01724138	
28									0,12878788			0,00746269									
28,2																					
29									0,18939394			0,00746269									
30									0,27272727												
31									0,09848485												
31,2									0,04545455												
32									0,02272727												
32,2									0,12121212												
33									0,00757576												
33,2									0,03787879												
34									0,01515152												
34,2									0,01515152												
35									0,00757576												
35,2																					
36																					

(Continuación Anexo D).

	42	67	67	65	67	43	65	66	67	66	67	67	58	1	3	3	2	29	27		
Homos	6	20	16	17	18	18	3	7	8	16	14	8	28	12	10	0	1	2	4		
Hetero	36	47	51	48	49	40	58	58	51	52	59	39	55	48	1	2	2	27	23		
Fhomo	0,142857143	0,298507463	0,23880597	0,261538462	0,268656716	0,268656716	0,069767442	0,107692308	0,121212121	0,23880597	0,212121212	0,119402985	0,417910448	0,179104478	0,172413793	0	0,333333333	0,333333333	0	0,068965517	0,148148148
Fhetero	0,857142857	0,701492537	0,76119403	0,738461538	0,731343284	0,731343284	0,930232558	0,892307692	0,878787879	0,76119403	0,787878788	0,880597015	0,582089552	0,820895522	0,827586207	1	0,666666667	0,666666667	1	0,931034483	0,851851852
Homoe	6,071428571	18,34328358	13,41791045	13,49230769	13,01492537	18,28358209	3,976744186	8,069230769	10,33333333	15,17910448	17,17424242	8,194029851	24,91791045	13,55970149	11,11206897	0,5	1,666666667	1,666666667	0,75	3,327586207	5,537037037
Heteroe	35,92857143	48,65671642	53,58208955	51,50769231	53,98507463	48,71641791	39,02325581	56,93076923	55,66666667	51,82089552	48,82575758	58,80597015	42,08208955	53,44029851	46,88793103	0,5	1,333333333	1,833333333	1,25	25,67241379	21,46296296
Fhomoe	0,144557823	0,273780352	0,20026732	0,207573964	0,194252618	0,272889285	0,092482423	0,124142012	0,156565657	0,226553798	0,260215794	0,122298953	0,371909111	0,202383604	0,191587396	0,5	0,555555556	0,388888889	0,375	0,114744352	0,205075446
Fheteroe	0,855442177	0,726219648	0,79973268	0,792426036	0,805747382	0,727110715	0,907517577	0,875857988	0,843434343	0,773446202	0,739784206	0,877701047	0,628090889	0,797616396	0,808412604	0,5	0,444444444	0,611111111	0,625	0,885255648	0,794924554
MP	0,049886621	0,125417588	0,074181332	0,075976391	0,071953665	0,121853419	0,037317469	0,042366864	0,056473829	0,090666073	0,117539027	0,040320784	0,182000446	0,084874137	0,077883472	1	0,555555556	0,333333333	0,5	0,063020214	0,105641419
PD	0,950113379	0,874582312	0,925818658	0,924023669	0,928046335	0,878146581	0,96282531	0,957633136	0,940326171	0,905333927	0,882460973	0,959679216	0,817999554	0,915125863	0,922116528	0	0,444444444	0,666666667	0,5	0,936979786	0,894375857
HW	8,98188E-07	0,969303379	0,999988223	0,999989361	0,99966318	0,999572615	0,999994245	0,899599408	0,195847638	0,888844427	0,902506084	0,9999999	0,58897118	0,999999666	0,72304581					0,900619902	0,77575429
TPI	3,5	1,675	2,09375	1,911764706	1,861111111	1,861111111	7,166666667	4,642857143	4,125	2,09375	2,357142857	4,1875	1,196428571	2,791666667	2,9		1,5	1,5		7,25	3,375
PIC	0,838987324	0,676186017	0,770731973	0,761162382	0,779056771	0,682588242	0,900870949	0,863361178	0,826332683	0,74020459	0,700058179	0,865214856	0,566764121	0,769589413	0,782667543	0,375	0,345679012	0,535493827	0,5546875	0,874158397	0,7735433
PE	0,708990302	0,43057274	0,529111893	0,490233922	0,478396711	0,478396711	0,857496328	0,779733546	0,752325881	0,529111893	0,576740446	0,755979935	0,269936711	0,638379414	0,651200184	1	0,378600823	0,378600823	1	0,859148213	0,698517525

n: Total de individuos para el sistema estudiado; Homos: Homocigotos; Hetero: Heterocigotos; Fhomo: Frecuencia de Homocigotos; Fhetero: Frecuencia de heterocigotos; Homoe: Homocigotos esperados; Heteroe: Heterocigotos esperados; MP: Probabilidad de coincidencia; PD: Poder de discriminación; HW: Hardy Weinberg prueba estadística λ^2 ; TPI: Índice Típico de Paternidad; PIC: Contenido de Información de Polimorfismo; PE: Probabilidad de Exclusión.

Anexo E Frecuencias 21 STRs región andina central.

	Penta D	CSF1PO	D16S539	D7S820	D13S317	D5S818	Penta E	D18S51	D21S11	TH01	D3S1358	FGA	TPOX	D8S1179	vWA	F13A01	FE5FPS	F13B	LPL	D2S1338	D19S433
2																					
2,2	0,00550122																				
3,2	0,00061125																				
4										0,00038285						0,20588235 0,17647059 0,17647059					
5	0,00244499						0,0391791														
6				0,0011583			0,00124378			0,36255743			0,00390625					0,10810811			
7	0,00488998	0,00269854		0,01428571	0,00038314	0,03395062	0,09639303			0,23545176			0,00039063			0,22058824		0,02702703			
7,3																					
8	0,01650367	0,00346955	0,01072797	0,0992278	0,09923372	0,00501543	0,01679104			0,07886677			0,46914063	0,00344828			0,01388889	0,17567568			
9	0,17909535	0,0154202	0,13601533	0,0953668	0,16130268	0,07561728	0,00932836	0,00114767		0,13973966			0,06328125	0,00842912				0,28378378	0,01388889		
9,3										0,17649311											
10	0,23349633	0,21896685	0,17777778	0,26254826	0,05977011	0,05555556	0,0590796	0,00612089		0,00612557			0,04648438	0,06245211			0,25	0,40540541	0,56944444		
11	0,200489	0,28989977	0,26206897	0,2969112	0,21149425	0,41936728	0,08644279	0,01109411		0,00038285			0,30507813	0,07931034	0,00135993		0,45833333	0,19444444		0,00882353	
12	0,14853301	0,40169622	0,2651341	0,19498069	0,28314176	0,27237654	0,1641791	0,11591431					0,10625	0,13563218	0,00135993		0,19444444		0,19444444	0,06764706	
12,2	0,00061125										0,0003876										0,00735294
13	0,13386308	0,05859676	0,12988506	0,02972973	0,11532567	0,12847222	0,09390547	0,11629686			0,00193798		0,00429688	0,32720307	0,00543971		0,06944444		0,02777778		0,24852941
13,2								0,00114767													0,10147059
14	0,05806846	0,0077101	0,01762452	0,00540541	0,06781609	0,00925926	0,08084577	0,17521041			0,08875969		0,00078125	0,23754789	0,06618314		0,01388889				0,26176471
14,2																					0,03970588
15	0,0091687	0,00154202	0,00076628		0,00153257		0,09825871	0,13848508			0,37248062		0,00039063	0,11226054	0,09066183						0,16029412
15,2																					0,05294118
16	0,00611247					0,0003858	0,06094527	0,13083397			0,29689922			0,0302682	0,33544878					0,03256705	0,00735294
16,2																					0,00441176
17	0,00061125						0,039801	0,14651875			0,13410853	0,00230769		0,00344828	0,27425204					0,21072797	
17,2																					
18							0,039801	0,06350421			0,09883721	0,01230769			0,16545784				0,05651341		
18,2																					
19							0,0391791	0,03710788			0,00620155	0,05961538			0,05303717				0,15804598		
20							0,02798507	0,03404744			0,0003876	0,08076923			0,00453309				0,11877395		
20,2																					
21							0,0261194	0,00841622												0,02490421	
22							0,01492537	0,00726855							0,00226655				0,09386973		
22,2																					
23							0,00186567	0,00382555					0,13423077							0,15996169	
23,2													0,00076923								
24							0,00310945	0,00191278					0,15923077							0,06992337	
24,2									0,000387				0,00038462								
25							0,00062189	0,00038256	0,00116099				0,17423077							0,05747126	
26									0,00154799				0,09076923							0,01436782	
27								0,00038256	0,01547988				0,02192308							0,00287356	
28									0,10178019				0,00346154								
28,2																					
29									0,20859133				0,00076923								
30									0,29218266												
31									0,06501548												
31,2									0,10100619												
32									0,01470588												
32,2									0,11880805												
33									0,00154799												
33,2									0,04760062												
34									0,000387												
34,2									0,00348297												
35									0,00270898												
35,2									0,000387												
36									0,000387												

(Continuación Anexo E).

n	818	1297	1305	1295	1305	1296	804	1307	1292	1306	1290	1300	1280	1305	1103	34	36	37	36	522	340
Homos	156	416	271	287	251	353	82	166	206	315	338	158	443	279	249	7	8	10	12	88	53
Hetero	662	881	1034	1008	1054	943	722	1141	1086	991	952	1142	837	1026	854	27	28	27	24	434	287
Fhomo	0,19070905	0,32074017	0,20766284	0,22162162	0,19233716	0,27237654	0,10199005	0,12700842	0,15944272	0,24119449	0,2620155	0,12153846	0,34609375	0,2137931	0,22574796	0,20588235	0,22222222	0,27027027	0,33333333	0,16858238	0,15588235
Fhetero	0,80929095	0,67925983	0,79233716	0,77837838	0,80766284	0,72762346	0,89800995	0,87299158	0,84055728	0,75880551	0,7379845	0,87846154	0,65390625	0,7862069	0,77425204	0,79411765	0,77777778	0,72972973	0,66666667	0,83141762	0,84411765
Homoe	139,550733	385,33963	269,322989	278,63861	237,821839	358,513889	67,7313433	159,843152	220,95743	318,429173	338,70969	163,379615	423,237891	268,426437	254,338622	6,86764706	11,3611111	10,6621622	14,43055556	68,47222222	60,0794118
Heteroe	678,449267	911,66037	1035,67701	1016,36139	1067,17816	937,486111	736,268657	1147,15685	1071,04257	987,570827	951,29031	1136,62038	856,762109	1036,57356	848,661378	27,1323529	24,6388889	26,3378378	21,5694444	453,527778	279,920588
Phomoe	0,17059992	0,29710072	0,20637777	0,21516495	0,18223896	0,27663109	0,08424296	0,12229774	0,17101968	0,24382019	0,26256565	0,12567663	0,3306546	0,20569076	0,23058805	0,20198962	0,31558642	0,28816654	0,40084877	0,13117284	0,17670415
Fheteroe	0,82940008	0,70289928	0,79362223	0,78483505	0,81776104	0,72336891	0,91575704	0,87770226	0,82898032	0,75617981	0,73743435	0,87432337	0,6693454	0,79430924	0,76941195	0,79801038	0,68441358	0,71183346	0,59915123	0,86882716	0,82329585
MP	0,05135969	0,13752453	0,07335946	0,07739479	0,05865856	0,11871404	0,01427254	0,02770732	0,04836383	0,09733144	0,11248843	0,02940592	0,15889038	0,07057148	0,08904997	0,10207612	0,1882716	0,14536158	0,21759259	0,03134129	0,05714533
PD	0,94864031	0,86247547	0,92664054	0,92260521	0,94134144	0,88128596	0,98572746	0,97229268	0,95163617	0,90266856	0,88751157	0,97059408	0,84110962	0,92942852	0,91095003	0,89792388	0,8117284	0,85463842	0,78240741	0,96865871	0,94285467
HW	0,99999999	0,99999977	0,99999941	0,99998502	0,9944101	0,99999999	0,99999999	0,99999999	0,99999999	0,95191004	0,99999997	0,99999999	0,99999995	0,99999999	0,99999999	0,99999999	0,76473797	0,9957018	0,98525877	0,81318489	0,99999999
TPI	2,62179487	1,55889423	2,40774908	2,25609756	2,59960159	1,83569405	4,90243902	3,93674699	3,13592233	2,07301587	1,90828402	4,11392405	1,44469526	2,33870968	2,21485944	2,42857143	2,25	1,85	1,5	2,96590909	3,20754717
PIC	0,80673205	0,6500412	0,76231479	0,752688	0,79396261	0,68359401	0,90977951	0,86519258	0,80934788	0,7184737	0,69599415	0,86109603	0,6172645	0,76719989	0,73540447	0,76568234	0,63430704	0,66338077	0,54648019	0,85519465	0,80138078
PE	0,61639632	0,39691103	0,58489617	0,55954671	0,61333882	0,47227626	0,79135618	0,74064959	0,67634109	0,52495158	0,48943553	0,75166722	0,36061048	0,57369623	0,55215929	0,58816843	0,55846839	0,47573629	0,37860082	0,65858806	0,68330433

n: Total de individuos para el sistema estudiado; Homos: Homocigotos; Hetero: Heterocigotos; Fhomo: Frecuencia de Homocigotos; Fhetero: Frecuencia de heterocigotos; Homoe: Homocigotos esperados; Heteroe: Heterocigotos esperados; MP: Probabilidad de coincidencia; PD: Poder de discriminación; HW: Hardy Weinberg prueba estadística λ^2 ; TPI: Índice Típico de Paternidad; PIC: Contenido de Información de Polimorfismo; PE: Probabilidad de Exclusión.

Anexo F Frecuencias 21 STRs región andina suroccidental.

	Penta D	CSF1PO	D16S539	D7S820	D13S317	D5S818	Penta E	D18S51	D21S11	TH01	D3S1358	FGA	TPOX	D8S1179	vWA	F13A01	FESFPS	F13B	LPL	D2S1338	D19S433
2																					
2,2	0,01162791																				
3,2																					
4																					
5	0,00290698						0,02857143			0,00170068						0,25					
6							0,00285714			0,31632653											
7	0,00872093			0,01034483		0,06537102	0,08			0,30102041						0,5					
7,3																					
8	0,02034884	0,00170648	0,01186441	0,10172414	0,07020548	0,00353357	0,02			0,07653061			0,52491103	0,0034965				0,25			
9	0,23255814	0,00682594	0,1559322	0,07758621	0,19863014	0,09363958	0,01142857	0,00343643		0,11054422			0,05516014	0,00174825				0,25			
9,3										0,17857143											
10	0,25581395	0,29180887	0,20508475	0,25	0,05821918	0,06360424	0,02857143	0,00515464		0,01530612			0,03736655	0,10839161		0,25		0,5	0,75		0,00617284
11	0,1627907	0,2883959	0,23728814	0,27413793	0,19520548	0,41166078	0,06	0,00515464					0,24733096	0,08916084	0,00241546		0,75				0,00617284
12	0,0755814	0,32935154	0,27966102	0,24827586	0,24315068	0,24911661	0,14857143	0,08934708					0,12099644	0,13286713	0,00241546				0,25		0,04320988
12,2																					0,01234568
13	0,15988372	0,07508532	0,09661017	0,03793103	0,15924658	0,1024735	0,08285714	0,104811			0,00176678		0,00711744	0,30944056	0,01449275		0,25				0,21604938
13,2							0,00571429														0,08641975
14	0,06104651	0,00682594	0,01355932		0,07020548	0,01060071	0,05428571	0,25429553			0,09187279		0,00533808	0,22377622	0,06521739						0,25308642
14,2																					0,06790123
15	0,00581395				0,00513699		0,16	0,15292096			0,48056537		0,00177936	0,0979021	0,07971014						0,14814815
15,2																					0,09876543
16	0,00290698						0,06	0,12027491			0,21908127			0,02797203	0,35507246					0,025	0,03703704
16,2																					0,01234568
17							0,02285714	0,15292096			0,11837456	0,01027397		0,00524476	0,29710145					0,17916667	
17,2																					
18							0,04571429	0,04295533			0,08657244	0,00513699			0,12318841					0,075	
18,2																					
19							0,05142857	0,02061856			0,00176678	0,07020548			0,04347826					0,25833333	
20							0,06857143	0,02061856				0,06164384			0,01449275					0,13333333	
20,2																					
21							0,04571429	0,00859107				0,1130137			0,00241546					0,01666667	
22							0,02	0,01202749				0,13356164								0,07083333	
22,2																					
23							0,00285714	0,00171821					0,125							0,13333333	
23,2																					
24								0,00343643				0,15924658								0,075	
24,2																					
25							0,00171821					0,16780822									
26									0,00174825			0,11815068								0,03333333	
27									0,01048951			0,0239726									
28									0,07167832			0,0119863									
28,2																					
29									0,25874126												
30									0,23426573												
31									0,0472028												
31,2									0,11538462												
32									0,01048951												
32,2									0,17657343												
33									0,00174825												
33,2									0,0541958												
34																					
34,2									0,00174825												
35									0,00174825												
35,2																					
36																					

(Continuación Anexo F).

n	172	293	295	290	292	283	175	291	286	294	283	292	281	286	207	2	2	2	2	120	81
Homos	29	85	63	77	49	68	14	58	60	74	99	31	106	44	53	0	1	0	1	17	11
Hetero	143	208	232	213	243	215	161	233	226	220	184	261	175	242	154	2	1	2	1	103	70
Phomo	0,168604651	0,290102389	0,213559322	0,265517241	0,167808219	0,240282686	0,08	0,199312715	0,20979021	0,25170068	0,349823322	0,106164384	0,377224199	0,153846154	0,256038647	0	0,5	0	0,5	0,141666667	0,135802469
Fhetero	0,831395349	0,709897611	0,786440678	0,734482759	0,832191781	0,759717314	0,92	0,800687285	0,79020979	0,74829932	0,650176678	0,893835616	0,622775801	0,846153846	0,743961353	1	0,5	1	0,5	0,858333333	0,864197531
Homoe	31,25290698	82,78156997	62,11186441	62,98965517	51,19178082	73,3639576	15,00571429	43,02920962	50,63636364	70,81802721	87,41696113	36,00171233	99,98822064	55,36713287	50,1884058	0,75	1,25	0,75	1,25	18,32083333	12,82098765
Heteroe	140,747093	210,21843	232,8881356	227,0103448	240,8082192	209,6360424	159,9942857	247,9707904	235,3636364	223,1819728	195,5830389	255,9982877	181,0017794	230,6328671	156,8115942	1,25	0,75	1,25	0,75	101,6791667	68,17901235
Phomoe	0,181702948	0,282530956	0,210548693	0,217205707	0,175314318	0,259236599	0,085746939	0,1478667	0,177050223	0,240877644	0,308893856	0,123293535	0,355865554	0,193591374	0,242456067	0,375	0,625	0,375	0,625	0,152673611	0,158283798
Fheteroe	0,818297052	0,717469044	0,789451307	0,782794293	0,824685682	0,740763401	0,914253061	0,8521333	0,822949777	0,759122356	0,691106144	0,876706465	0,644134446	0,806408626	0,757543933	0,625	0,375	0,625	0,375	0,847326389	0,841716202
MP	0,066387236	0,132476791	0,077184717	0,079334126	0,057445112	0,105844748	0,016293878	0,039855458	0,056604235	0,108126244	0,135611632	0,030704635	0,185952559	0,067289354	0,095194754	0,5	0,5	0,5	0,5	0,044583333	0,061728395
PD	0,933612764	0,867523209	0,922815283	0,920665874	0,942554888	0,894155252	0,983706122	0,960144542	0,943395765	0,891873756	0,864388368	0,969295365	0,814047441	0,932710646	0,904805246	0,5	0,5	0,5	0,5	0,955416667	0,938271605
HW	0,997111447	0,970791138	1	0,999968314	0,999999	0,999999	0,999999	0,999999	0,999969527	0,999999	0,993192756	0,999766028	0,999999	3,43978E-27	0,999999	0,999999291					0,999999
TPI	2,965517241	1,723529412	2,341269841	1,883116883	2,979591837	2,080882353	6,25	2,50862069	2,383333333	1,986486486	1,429292929	4,709677419	1,325471698	3,25	1,952830189	1			1	3,529411765	3,681818182
PIC	0,793891057	0,663611911	0,756855134	0,749114982	0,801157809	0,706351157	0,908205602	0,835941624	0,800286146	0,7205241	0,651652876	0,863900687	0,597379443	0,781212681	0,72273814	0,5546875	0,3046875	0,5546875	0,3046875	0,830223577	0,823603304
PE	0,658545011	0,44373753	0,574121439	0,48359729	0,660084789	0,526537705	0,836432794	0,600316224	0,58099773	0,506860393	0,355459675	0,782844527	0,319107364	0,687298172	0,499491124	1	0,1875	1	0,1875	0,711353676	0,723031484

n: Total de individuos para el sistema estudiado; Homos: Homocigotos; Hetero: Heterocigotos; Phomo: Frecuencia de Homocigotos; Fhetero: Frecuencia de heterocigotos; Homoe: Homocigotos esperados; Heteroe: Heterocigotos esperados; MP: Probabilidad de coincidencia; PD: Poder de discriminación; HW: Hardy Weinberg prueba estadística χ^2 ; TPI: Índice Típico de Paternidad; PIC: Contenido de Información de Polimorfismo; PE: Probabilidad de Exclusión.

Anexo G Frecuencias 21 STRs amazonas y orinoquia.

	Penta D	CSF1PO	D16S539	D7S820	D13S317	D5S818	Penta E	D18S51	D21S11	TH01	D3S1358	FGA	TPOX	D8S1179	vWA	F13A01	FESFPS	F13B	LPL	D2S1338	D19S433
2																					
2,2	0,01503759																				
3,2																0,25					
4																0,16666667					
5							0,03968254							0,00202429		0,16666667					
6										0,3805668			0,00619835								
7		0,01020408		0,01440329		0,02439024	0,05555556			0,23481781			0,00206612	0,00202429		0,08333333					
7,3																					
8	0,01503759	0,00612245	0,00809717	0,09259259	0,07142857	0,00609756	0,01190476			0,08097166			0,46900826	0,00809717				0,16666667			
9	0,15037594	0,01632653	0,1417004	0,05967078	0,20408163	0,08943089				0,12145749			0,08471074	0,00607287				0,33333333	0,08333333		
9,3										0,16801619											
10	0,2443609	0,22040816	0,20647773	0,28806584	0,04897959	0,05487805	0,05952381	0,00612245		0,01417004			0,04545455	0,06680162		0,08333333	0,25	0,33333333	0,41666667		
11	0,19924812	0,27959184	0,22874494	0,31069959	0,20612245	0,39634146	0,07142857	0,00816327					0,26446281	0,07489879	0,00259067		0,41666667	0,08333333			
12	0,19924812	0,39795918	0,28744939	0,20576132	0,25510204	0,30284553	0,17063492	0,10612245					0,12190083	0,1194332	0,00259067	0,08333333	0,25		0,33333333		0,09868421
12,2																					0,02631579
13	0,12406015	0,05714286	0,11336032	0,02057613	0,12857143	0,11788618	0,12301587	0,12040816			0,00619835		0,00619835	0,31578947	0,00259067		0,08333333		0,08333333		0,19736842
13,2								0,00408163													0,08552632
14	0,04135338	0,0122449	0,01214575	0,00823045	0,08571429	0,00813008	0,07539683	0,19591837			0,07024793			0,26315789	0,06735751						0,26315789
14,2																					0,04605263
15	0,0112782		0,00202429				0,0952381	0,17346939			0,4214876			0,11336032	0,10621762	0,08333333					0,15131579
15,2																					0,05921053
16							0,0952381	0,1122449			0,27066116			0,02631579	0,38341969					0,06410256	0,03947368
16,2																					0,00657895
17							0,03174603	0,12857143			0,12603306			0,00202429	0,29274611					0,15811966	0,00657895
17,2																					0,00657895
18							0,0515873	0,06734694			0,10123967	0,0122449			0,11917098					0,05128205	
18,2																					
19							0,03571429	0,02857143			0,00413223	0,05510204			0,02331606					0,2008547	
20							0,03968254	0,03061224				0,08571429								0,11965812	
20,2																					
21							0,02380952	0,00816327				0,11428571								0,02136752	
22							0,01587302	0,00612245				0,15306122								0,0982906	
22,2																					
23							0,00396825	0,00204082													0,17521368
23,2																					
24																					0,05128205
24,2																					
25																					
26													0,14897959							0,05128205	
27									0,00614754				0,10612245							0,00854701	
27,2									0,0204918				0,03061224								
28									0,09221311				0,00612245								
28,2									0,00204918												
29									0,21516393												
30									0,30122951			0,00204082									
31									0,05737705												
31,2									0,06967213												
32									0,02254098												
32,2									0,14139344												
33									0,00204918												
33,2									0,03893443												
34																					
34,2									0,00819672												
35									0,00204918												
35,2																					
36									0,00204918												

(Continuación Anexo G).

n	133	245	247	243	245	246	126	245	244	247	242	245	242	247	193	6	6	6	6	117	76
Homos	19	75	42	57	49	59	7	39	43	61	62	39	75	46	51	0	2	1	1	25	7
Hetero	114	170	205	186	196	187	119	206	201	186	180	206	167	201	142	6	4	5	5	92	69
Fhomo	0,14285714	0,30612245	0,17004049	0,2345679	0,2	0,2398374	0,05555556	0,15918367	0,17622951	0,24696356	0,25619835	0,15918367	0,30991736	0,18623482	0,2642487	0	0,33333333	0,16666667	0,16666667	0,21367521	0,09210526
Fhetero	0,85714286	0,69387755	0,82995951	0,7654321	0,8	0,7601626	0,94444444	0,84081633	0,82377049	0,75303644	0,74380165	0,84081633	0,69008264	0,81376518	0,7357513	1	0,66666667	0,83333333	0,83333333	0,78632479	0,90789474
Homoe	23,8609023	70,7918367	52,0506073	57,0288066	44,244898	67,504065	11,1984127	31,822449	43,0696721	61,6781377	68,2520661	30,244898	76,0103306	51,1214575	50,8160622	0,91666667	1,83333333	1,66666667	1,83333333	15,508547	11,8815789
Heteroe	109,139098	174,208163	194,949393	185,971193	200,755102	178,495935	114,801587	213,177551	200,930328	185,321862	173,747934	214,755102	165,989669	195,878543	142,183938	5,08333333	4,16666667	4,33333333	4,16666667	101,491453	64,1184211
Fhomoe	0,17940528	0,28894627	0,2107312	0,23468645	0,18059142	0,27440677	0,08887629	0,12988755	0,17651505	0,24970906	0,28203333	0,12344856	0,31409228	0,20696946	0,26329566	0,15277778	0,30555556	0,27777778	0,30555556	0,13255168	0,15633657
Fheteroe	0,82059472	0,71105373	0,7892688	0,76531355	0,81940858	0,72559323	0,91112371	0,87011245	0,82348495	0,75029094	0,71796667	0,87655144	0,68590772	0,79303054	0,73670434	0,84722222	0,69444444	0,72222222	0,69444444	0,86744832	0,84366343
MP	0,06145062	0,13949188	0,0796112	0,09492117	0,06132445	0,12264525	0,02066012	0,03510204	0,0561677	0,10069006	0,12707465	0,03113703	0,14186189	0,07580849	0,11149293	0,16666667	0,22222222	0,22222222	0,22222222	0,03440719	0,06128809
PD	0,93854938	0,86050812	0,9203888	0,90507883	0,93867555	0,87735475	0,97933988	0,96489796	0,9438323	0,89930994	0,87292535	0,96886297	0,85813811	0,92419151	0,88850707	0,83333333	0,77777778	0,77777778	0,77777778	0,96559281	0,93871191
HW	0,9995109	0,99864234	0,99999	0,99996652	0,99999	0,99999	0,9998506	0,99987771	0,99984262	0,99883841	0,99999	0,99999	0,87432073	0,99983621	0,98601853					0,99434583	0,89595819
TPI	3,5	1,63333333	2,94047619	2,13157895	2,5	2,08474576	9	3,14102564	2,8372093	2,02459016	1,9516129	3,14102564	1,61333333	2,68478261	1,89215686		1,5	3	3	2,34	5,42857143
PIC	0,79587744	0,66112687	0,75681214	0,72831957	0,79492913	0,68364859	0,90456153	0,85641167	0,80321347	0,71301027	0,6757324	0,86373726	0,64080828	0,76535518	0,69668627	0,82957176	0,63908179	0,6712963	0,64371142	0,85340965	0,82622793
PE	0,7089903	0,41885243	0,6557726	0,5365363	0,59904	0,52731322	0,88677518	0,67684686	0,64387573	0,51497515	0,49922096	0,67684686	0,41308561	0,62483293	0,48570768	1	0,37860082	0,66229424	0,66229424	0,57391063	0,81157573

n: Total de individuos para el sistema estudiado; Homos: Homocigotos; Hetero: Heterocigotos; Fhomo: Frecuencia de Homocigotos; Fhetero: Frecuencia de heterocigotos; Homoe: Homocigotos esperados; Heteroe: Heterocigotos esperados; MP: Probabilidad de coincidencia; PD: Poder de discriminación; HW: Hardy Weinberg prueba estadística χ^2 ; TPI: Índice Típico de Paternidad; PIC: Contenido de Información de Polimorfismo; PE: Probabilidad de Exclusión

Anexo H.

Bienvenido al instructivo de usuario de Lustró versión 1.1.

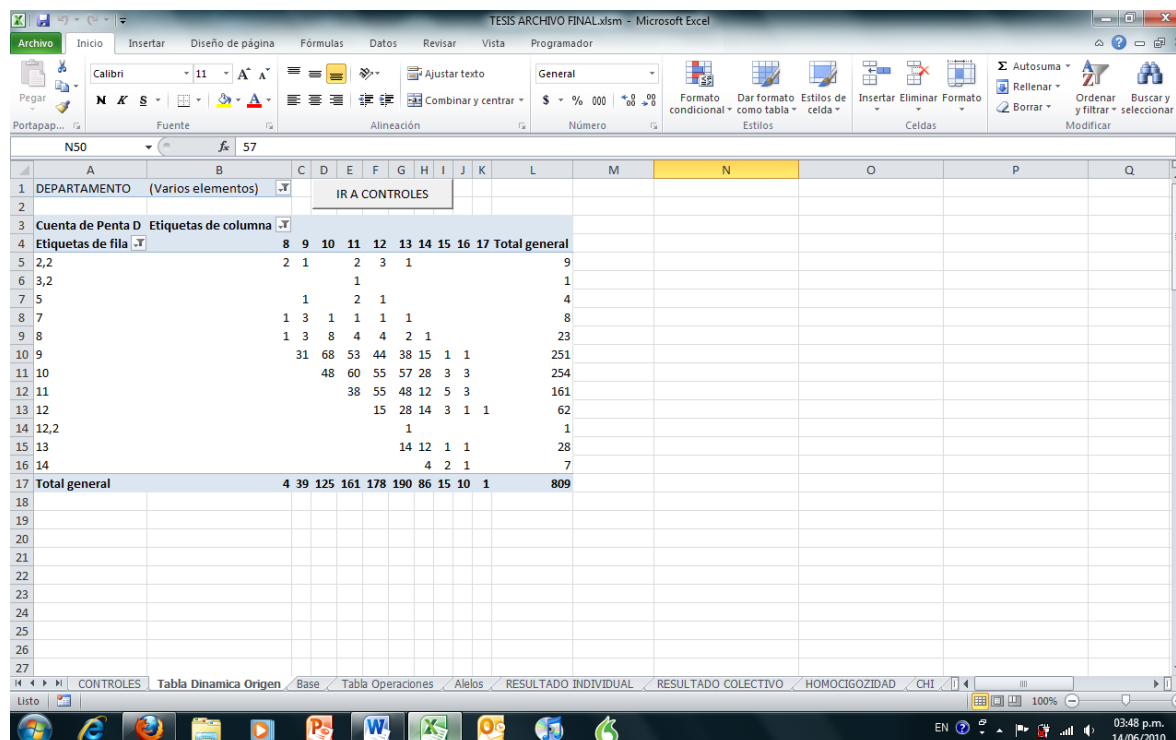
Lustró v1.1, es un programa para análisis de datos de genética poblacional, diseñado en lenguaje Visual Basic, que opera dentro del paquete informático Excel® de Microsoft®.

Se compone de 5 módulos o subrutinas, denominadas macros, que trabajan de manera secuencial, que emergen y operan desde el entorno gráfico del cuadro de control.

Las hojas de cálculo con las que el usuario interactúa son: controles, tabla dinámica origen, base y resultado colectivo. Debajo de estas, sin que el usuario lo perciba, operan otras hojas de cálculo que son: operaciones, alelos, resultado individual, chi y homocigosidad. Todas estas hojas de cálculo constituyen la base de operación de Lustró v 1.1.

A continuación se describe el funcionamiento del programa:

Ilustración 1. Tabla dinámica origen



The screenshot shows an Excel spreadsheet titled 'TESIS ARCHIVO FINAL.xlsm'. The active sheet is 'Tabla Dinamica Origen'. The table contains data for various departments (DEPARTAMENTO) and their corresponding counts (Cuenta de Penta). The columns are labeled A through Q, and the rows are numbered 1 through 27. The data is organized into a grid where each row represents a department and each column represents a count. The 'Total general' row at the bottom shows the sum of all counts, which is 809.

DEPARTAMENTO	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	Total general
2,2	2	1		2	3	1					9
3,2				1							1
5		1		2	1						4
7	1	3	1	1	1	1					8
8	1	3	8	4	4	2	1				23
10	31	68	53	44	38	15	1	1			251
11	48	60	55	57	28	3	3				254
12	38	55	48	12	5	3					161
13		15	28	14	3	1	1				62
14			1								1
15				14	12	1	1				28
16					4	2	1				7
17	4	39	125	161	178	190	86	15	10	1	809

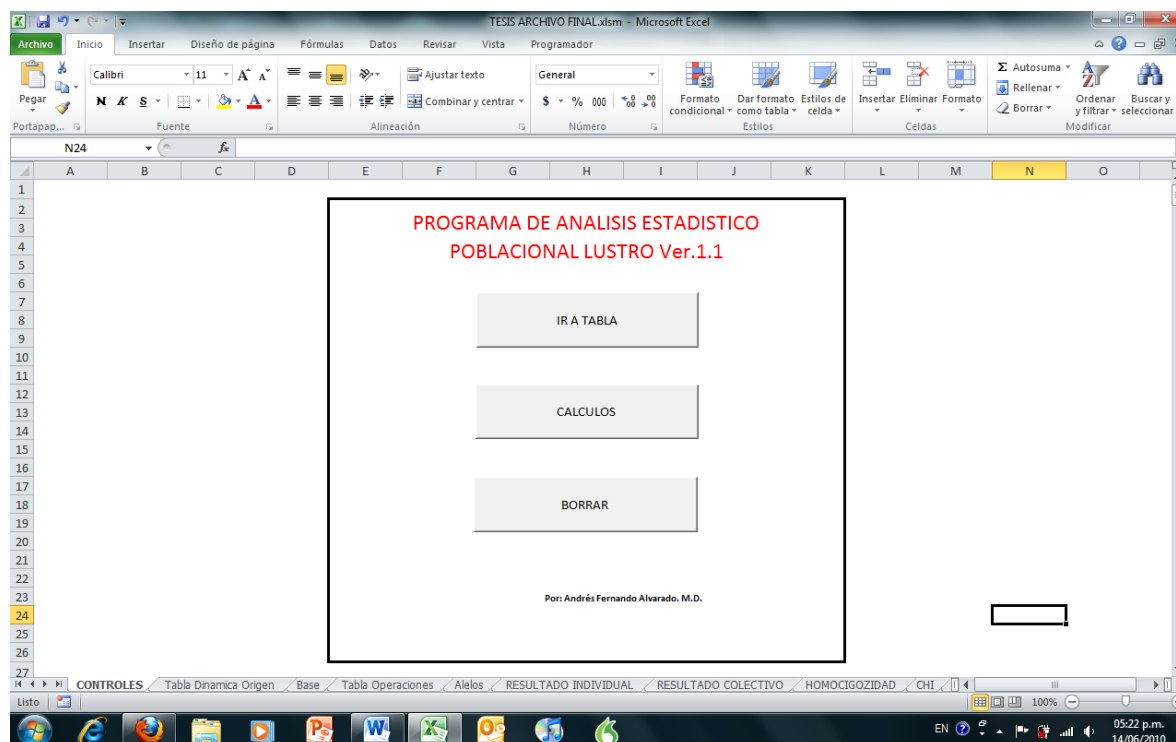
Tabla dinámica origen es la hoja de cálculo en donde se escogen los alelos para cada locus bajo análisis y se establecen los filtros para adelantar el proceso. Consta de una tabla dinámica, un cuadro de control de variables (que se activa oprimiendo una vez el botón derecho del ratón con el cursor colocado sobre el cuadro de datos) y un botón que envía a los controles del programa, que se localiza en la parte superior de la tabla dinámica.

Ilustración 2. Base

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
	CODE	CONSECUTIVO	REGISTRO	CIUDAD	DEPARTAMENTO	RELACION	Penta D	Penta D-2	CSF1PO	CSF1PO-2	D16S539	D16S539-2	D7S820	D7S820-2	D13S317	D13S317-2
404	GMC	120	GMC120	BOGOTA	CUNDINAMA	PADRE	10	10	10	13	12	13	11	12	10	10
405	GMC	120	GMC120	SIN DATO	SIN DATO	MADRE	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
406	GMC	1200	GMC1200	BOGOTA	CUNDINAMA	PADRE	?	?	10	12	10	13	10	12	9	9
407	GMC	1200	GMC1200	BOGOTA	CUNDINAMA	MADRE	?	?	12	13	11	13	10	11	9	9
408	GMC	1201	GMC1201	BUCARAMANGA	SANTANDER	PADRE	?	?	10	10	11	13	10	13	11	11
409	GMC	1201	GMC1201	SIN DATO	SIN DATO	MADRE	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
410	GMC	1202	GMC1202	BOGOTA	CUNDINAMA	PADRE	?	?	10	11	10	13	10	11	8	8
411	GMC	1202	GMC1202	BOGOTA	CUNDINAMA	MADRE	?	?	9	11	10	12	10	11	9	9
412	GMC	1203	GMC1203	BOGOTA	CUNDINAMA	PADRE	?	?	11	12	8	10	8	10	12	12
413	GMC	1203	GMC1203	BOGOTA	CUNDINAMA	MADRE	?	?	12	13	12	12	9	11	11	11
414	GMC	1204	GMC1204	TOCANCIPA	CUNDINAMA	PADRE	?	?	11	12	11	12	8	11	8	8
415	GMC	1204	GMC1204	TOCANCIPA	CUNDINAMA	MADRE	?	?	12	12	9	12	11	12	11	11
416	GMC	1205	GMC1205	BOGOTA	CUNDINAMA	PADRE	?	?	11	11	12	12	11	12	9	9
417	GMC	1205	GMC1205	BOGOTA	CUNDINAMA	MADRE	?	?	11	12	11	13	11	11	12	12
418	GMC	1206	GMC1206	BOGOTA	CUNDINAMA	PADRE	?	?	11	12	10	12	8	10	10	10
419	GMC	1206	GMC1206	SIN DATO	SIN DATO	MADRE	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
420	GMC	1207	GMC1207	VILLANUEVA	CASANARE	PADRE	?	?	10	10	11	12	11	11	8	8
421	GMC	1207	GMC1207	SIN DATO	SIN DATO	MADRE	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
422	GMC	1208	GMC1208	ACACIAS	META	PADRE	?	?	11	12	10	12	10	11	10	10
423	GMC	1208	GMC1208	ACACIAS	META	MADRE	?	?	12	12	9	11	10	11	8	8
424	GMC	1209	GMC1209	BOGOTA	CUNDINAMA	PADRE	?	?	11	13	11	11	11	11	12	12
425	GMC	1209	GMC1209	LA CALERA	CUNDINAMA	MADRE	?	?	11	12	11	11	10	10	11	11
426	GMC	1210	GMC1210	BOGOTA	CUNDINAMA	PADRE	?	?	10	11	9	9	10	11	9	9
427	GMC	1210	GMC1210	TABIO	CUNDINAMA	MADRE	?	?	10	12	9	13	9	10	11	11
428	GMC	1211	GMC1211	BOGOTA	CUNDINAMA	PADRE	?	?	10	12	12	13	10	11	9	9
429	GMC	1211	GMC1211	BOGOTA	CUNDINAMA	MADRE	?	?	11	12	9	12	9	11	12	12

Base: Es la hoja de cálculo en la que se anidan los datos que se someterán a análisis. El usuario debe organizar los datos de manera tal que sean compatibles con la estructura que se muestra en la ilustración 2, en el que los encabezados de las columnas son: código, consecutivo, registro, ciudad, departamento, relación, y locus; teniendo en cuenta que para cada individuo representado en una fila, se deben anotar los dos (2) alelos del locus, sea él, homocigoto o heterocigoto, por ello, cada locus cuenta con 2 columnas (una para cada alelo).

Ilustración 3 Controles



En la hoja controles, se encuentran los botones que permiten adelantar el proceso de análisis: al oprimir, Ir a tabla, se abre la hoja de cálculo donde se halla la tabla dinámica para escoger el *locus* o *loci* a estudiar así, como los filtros que desee utilizar el usuario; mientras que oprimir cálculos, se ejecuta el proceso matemático que conduce a obtener los resultados y al oprimir borrar, se eliminan los análisis previos realizados.

Ilustración 4 Resultado colectivo

The image shows a Microsoft Excel spreadsheet titled 'TESIS ARCHIVO FINAL.xlsm'. The active worksheet is 'Resultado Colectivo'. The spreadsheet contains a large table of numerical data. The columns are labeled with locus names: A (B68), B (Penta D), C (CSFPO), D (D18S83), E (D7S820), F (D12S317), G (D6S818), H (Penta E), I (D18S51), J (D2S11), K (TH01), L (D3S1358), M (FGA), N (TPCK), O (D8S1179), P (vWA), Q (F13A01), R (FESFPS), S (F13B), T (LPL), U (D2S1338), V (D19S433), W, X, Y. The rows are numbered 1 to 45. The data consists of various numerical values, some of which are highlighted in yellow. The status bar at the bottom shows 'Promedio: 0,976397779' and 'Recuento: 21'. The taskbar at the bottom shows the date '14/06/2010' and time '09:34 p.m.'.

Resultado colectivo es la hoja de cálculo que organiza en una tabla los resultados generales, junto con dos botones, borrar e insertar cálculos. El primero elimina estimaciones previas y en el segundo el usuario verá ordenadamente los resultados finales por *locus*, con la frecuencia para cada alelo.

Uso

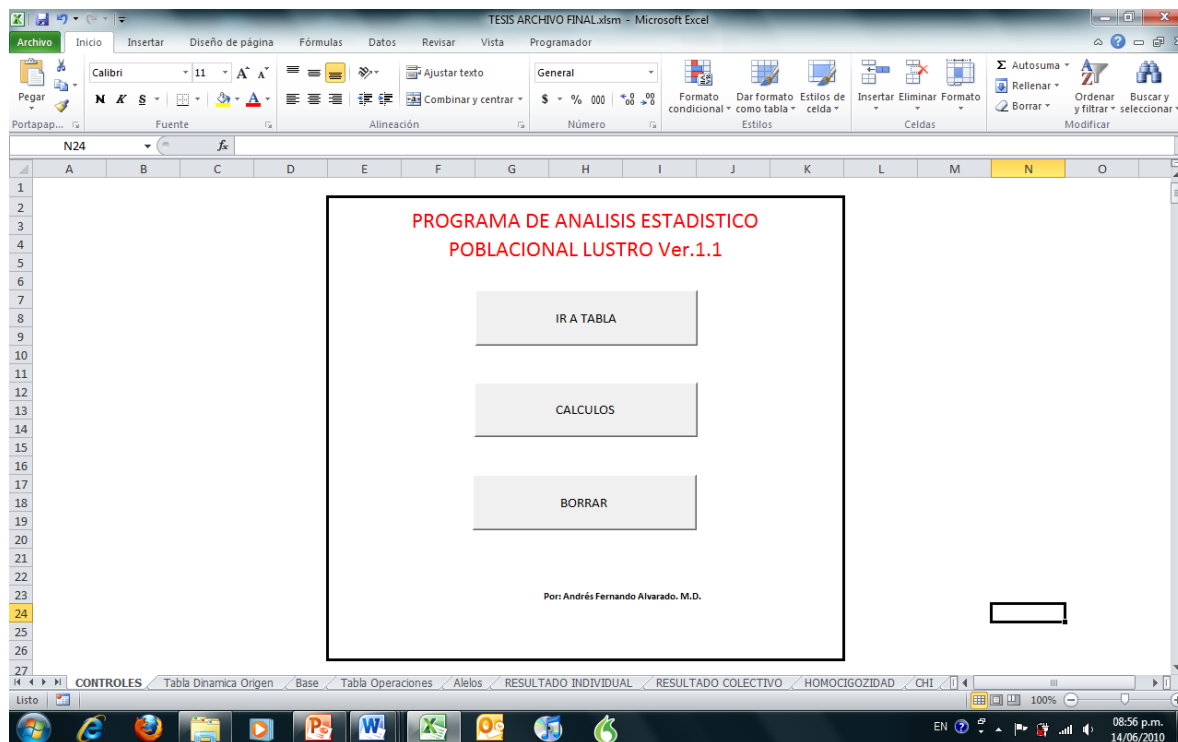
1. Abra el archivo Lustro.xlsm y entre a la hoja base, en donde se insertarán los datos que desea analizar. Recuerde que para cada *locus*, existen 2 columnas, en las cuales se deben colocar los alelos correspondientes, el programa no admite el análisis de más de dos alelos por *locus*. El programa fue diseñado para insertar datos de individuos homocigotos y heterocigotos, por ejemplo trisomía 21. Recuerde que la información que ingrese debe quedar con la misma estructura que se presenta en la hoja de cálculo llamada base.

Ilustración 5 Paso 1

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
	CODE	CONSECUTIVO	REGISTRO	CIUDAD	DEPARTAMENTO	RELACION	Penta D	Penta D-2	CSF1PO	CSF1PO-2	D165539	D165539-2	D75820	D75820-2	D135317	D135317-2
404	GMC	120	GMC120	BOGOTA	CUNDINAMARCA	PADRE	10	10	10	13	12	13	11	12	10	
405	GMC	120	GMC120	SIN DATO	SIN DATO	MADRE	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
406	GMC	1200	GMC1200	BOGOTA	CUNDINAMARCA	PADRE	?	?	10	12	10	13	10	12	9	
407	GMC	1200	GMC1200	BOGOTA	CUNDINAMARCA	MADRE	?	?	12	13	11	13	10	11	9	
408	GMC	1201	GMC1201	BUCARAMANGA	SANTANDER	PADRE	?	?	10	10	11	13	10	13	11	
409	GMC	1201	GMC1201	SIN DATO	SIN DATO	MADRE	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
410	GMC	1202	GMC1202	BOGOTA	CUNDINAMARCA	PADRE	?	?	10	11	10	13	10	11	8	
411	GMC	1202	GMC1202	BOGOTA	CUNDINAMARCA	MADRE	?	?	9	11	10	12	10	11	9	
412	GMC	1203	GMC1203	BOGOTA	CUNDINAMARCA	PADRE	?	?	11	12	8	10	8	10	12	
413	GMC	1203	GMC1203	BOGOTA	CUNDINAMARCA	MADRE	?	?	12	13	12	12	9	11	11	
414	GMC	1204	GMC1204	TOCANCIPA	CUNDINAMARCA	PADRE	?	?	11	12	11	12	8	11	8	
415	GMC	1204	GMC1204	TOCANCIPA	CUNDINAMARCA	MADRE	?	?	12	12	9	12	11	12	11	
416	GMC	1205	GMC1205	BOGOTA	CUNDINAMARCA	PADRE	?	?	11	11	12	12	11	12	9	
417	GMC	1205	GMC1205	BOGOTA	CUNDINAMARCA	MADRE	?	?	11	12	11	13	11	11	12	
418	GMC	1206	GMC1206	BOGOTA	CUNDINAMARCA	PADRE	?	?	11	12	10	12	8	10	10	
419	GMC	1206	GMC1206	SIN DATO	SIN DATO	MADRE	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
420	GMC	1207	GMC1207	VILLANUEVA	CASANARE	PADRE	?	?	10	10	11	12	11	11	8	
421	GMC	1207	GMC1207	SIN DATO	SIN DATO	MADRE	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
422	GMC	1208	GMC1208	ACACIAS	META	PADRE	?	?	11	12	10	12	10	11	10	
423	GMC	1208	GMC1208	ACACIAS	META	MADRE	?	?	12	12	9	11	10	11	8	
424	GMC	1209	GMC1209	BOGOTA	CUNDINAMARCA	PADRE	?	?	11	13	11	11	11	11	12	
425	GMC	1209	GMC1209	LA CALERA	CUNDINAMARCA	MADRE	?	?	11	12	11	11	10	10	11	
426	GMC	1210	GMC1210	BOGOTA	CUNDINAMARCA	PADRE	?	?	10	11	9	9	10	11	9	
427	GMC	1210	GMC1210	TABIO	CUNDINAMARCA	MADRE	?	?	10	12	9	13	9	10	11	
428	GMC	1211	GMC1211	BOGOTA	CUNDINAMARCA	PADRE	?	?	10	12	12	13	10	11	9	
429	GMC	1211	GMC1211	BOGOTA	CUNDINAMARCA	MADRE	?	?	11	12	9	12	9	11	12	

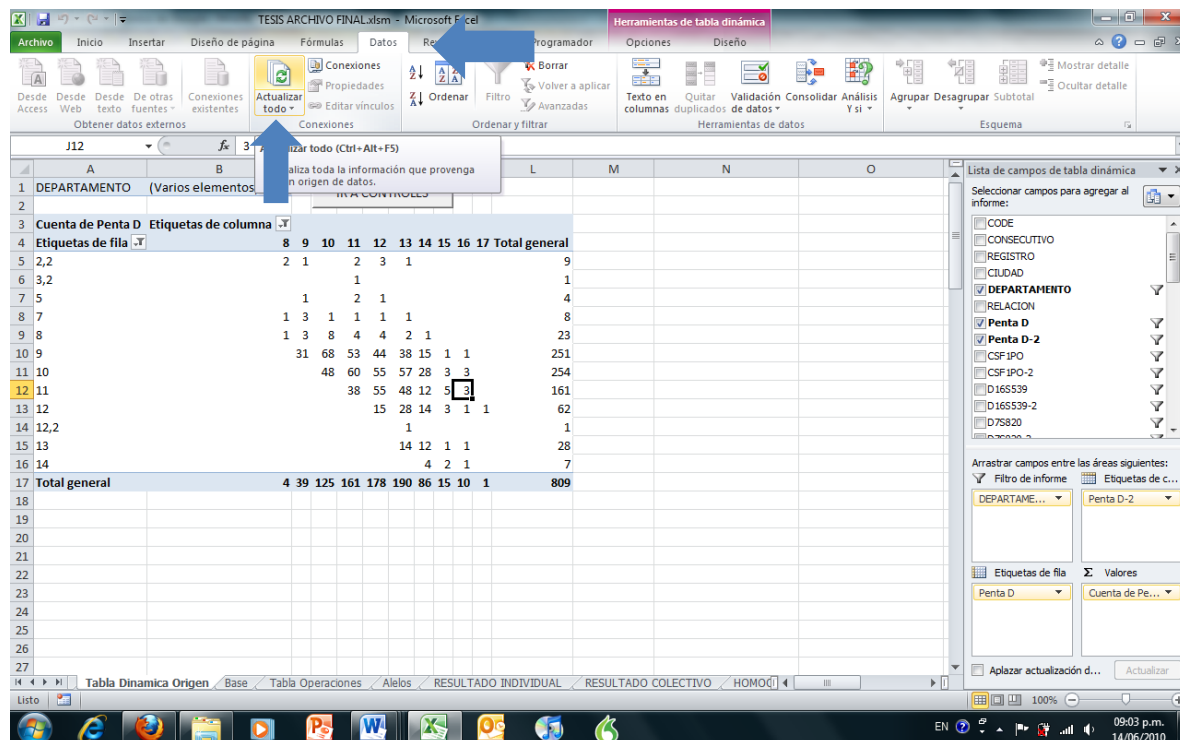
- Una vez realizado este paso, usted debe ir a la hoja de cálculo llamada controles, presionar el botón borrar, con el fin de eliminar todo tipo de información previa y dejar limpias las hojas de cálculo.

Ilustración 6 Paso 2



3. Una vez hecho lo anterior, automáticamente se abrirá para usted la hoja de cálculo origen, diríjase a la barra de herramientas y seleccione el menú llamado datos; oprima y abra ése menú y seleccione “actualizar todo”, con lo cual quedará cargada la base de datos de interés.

Ilustración 7 Paso 3

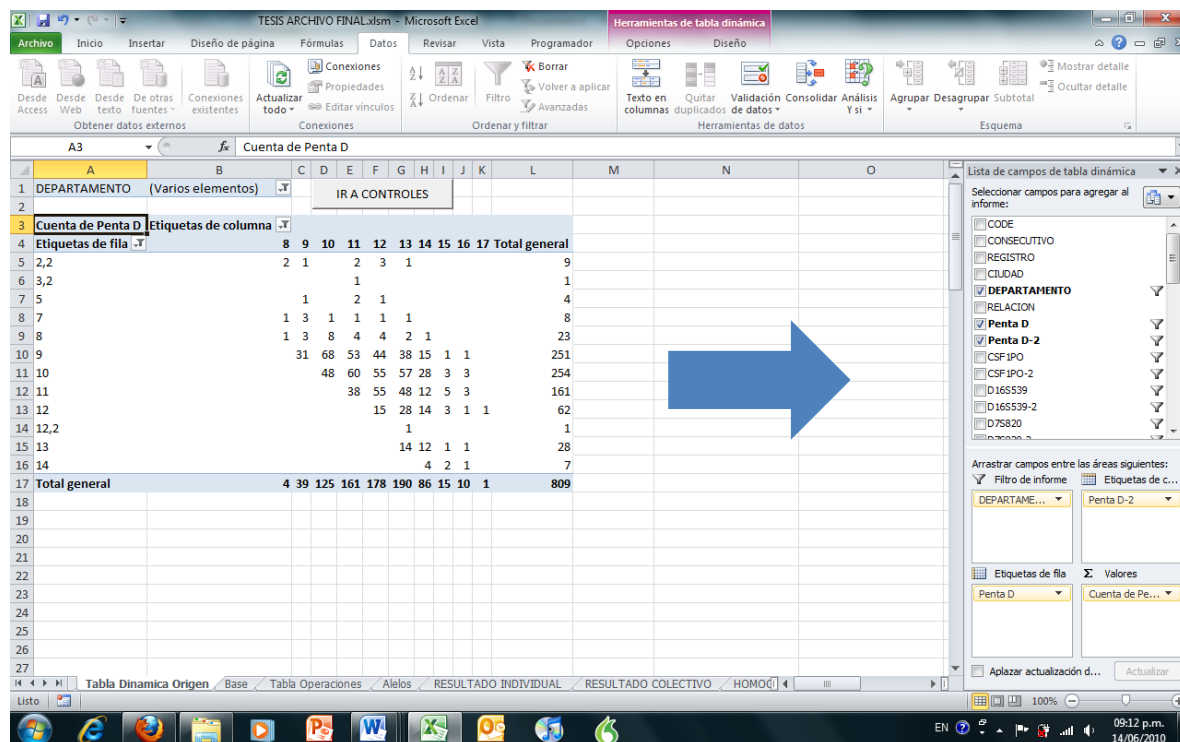


- Para introducir los datos del primer alelo para cada *locus*, en el recuadro que aparece a la derecha de la hoja de cálculo, llamado "lista de campos tabla dinámica", seleccione el *locus* de interés, por ejemplo Penta D, luego, manteniendo el botón del ratón oprimido arrástrelo y péguelo, a los recuadros inferiores llamados "etiquetas de fila" y "valores".

Para el segundo alelo del *locus* (que en la lista de variables disponibles aparece seguido de un guión y el número 2), este se debe seleccionar y arrastrar con el ratón hasta el recuadro llamado "etiqueta de columna" que se halla en la parte media y derecha de la hoja de cálculo, localizado encima del recuadro "valores".

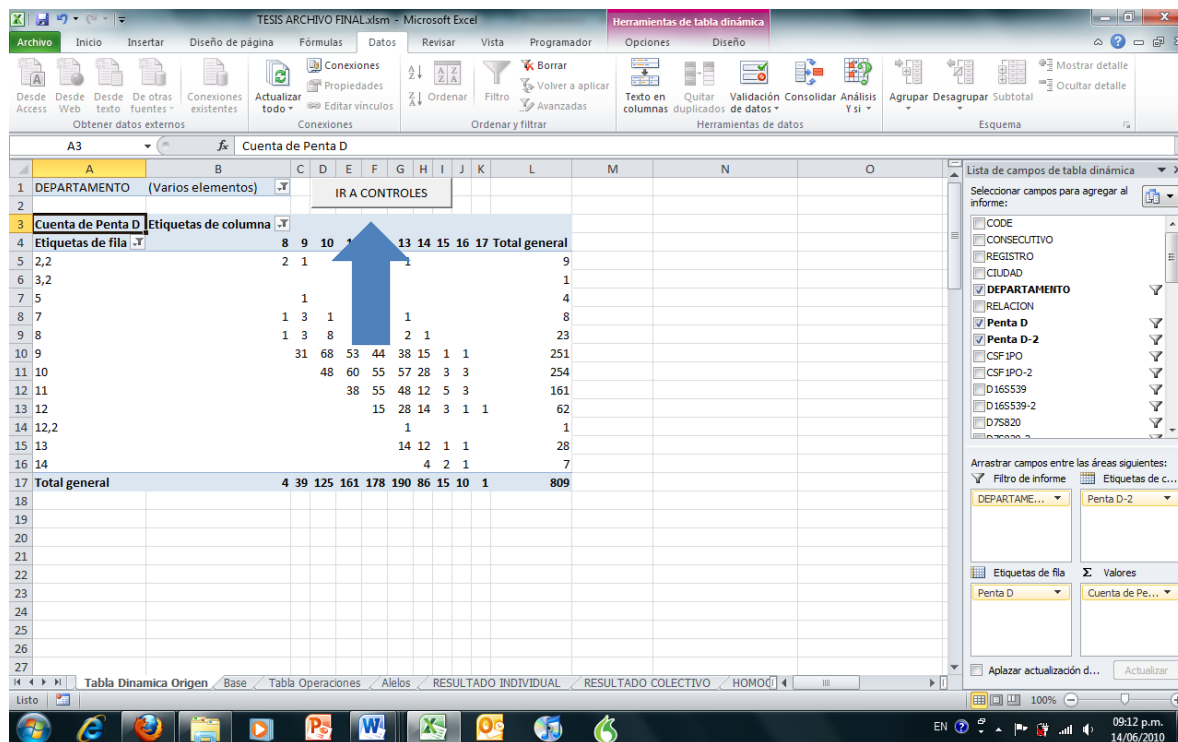
En caso de que se requiera analizar una región geográfica o muestra de población, extrayéndola de una gran base de datos, se puede seleccionar en el recuadro "campos para agregar el informe", la opción "región geográfica", luego se selecciona y arrastra con el ratón hasta el recuadro "filtro de informe" localizado abajo a la derecha. Luego, en la parte superior izquierda de la hoja de cálculo aparece el menú "región geográfica (todas)", que al desplegarlo permite escoger la región geográfica de interés. Esto también opera para la selección de opciones como "registro", "ciudad", "relación", etc.

Ilustración 8 Paso 4



- Una vez realizados los pasos anteriores, debe oprimir el botón “ir a controles” y será conducido al panel de control de Lustró v1.1, este botón está ubicado dentro de la hoja de cálculo y se halla en la parte superior central.

Ilustración 9 Paso 5



TESIS ARCHIVO FINALism - Microsoft Excel

Herramientas de tabla dinámica

Archivo Inicio Insertar Diseño de página Fórmulas Datos Revisar Vista Programador Opciones Diseño

Desde Access Desde Web Desde texto Desde otras fuentes Obtener datos externos Conexiones existentes Actualizar todo Conexiones Propiedades Editar vínculos Conexiones Ordenar y filtrar Ordenar Filtro Volver a aplicar Avanzadas Herramientas de datos Herramientas de datos Agrupar Desagrupar Subtotal Esquema

A3 Cuenta de Penta D

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O
1	DEPARTAMENTO	(Varios elementos)													
2															
3	Cuenta de Penta D	Etiquetas de columna													
4	Etiquetas de fila		8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	Total general		
5	2,2		2	1									9		
6	3,2												1		
7	5												4		
8	7		1	3	1			1					8		
9	8		1	3	8			2	1				23		
10	9		31	68	53	44	38	15	1	1			251		
11	10			48	60	55	57	28	3	3			254		
12	11				38	55	48	12	5	3			161		
13	12					15	28	14	3	1	1		62		
14	12,2												1		
15	13							14	12	1	1		28		
16	14							4	2	1			7		
17	Total general		4	39	125	161	178	190	86	15	10	1	809		
18															
19															
20															
21															
22															
23															
24															
25															
26															
27															

Tabla Dinamica Origen Base Tabla Operaciones Alelos RESULTADO INDIVIDUAL RESULTADO COLECTIVO HOMOC

Lista de campos de tabla dinámica

Seleccionar campos para agregar al informe:

- ☐ CODE
- ☐ CONSECUTIVO
- ☐ REGISTRO
- ☐ CIUDAD
- ☒ DEPARTAMENTO
- ☐ RELACION
- ☒ Penta D
- ☒ Penta D-2
- ☐ CSF IPO
- ☐ CSF IPO-2
- ☐ D165539
- ☐ D165539-2
- ☐ D75820
- ☐ D75820-2

Arrastrar campos entre las áreas siguientes:

Filtro de informe: DEPARTAME...
Etiquetas de c...: Penta D-2

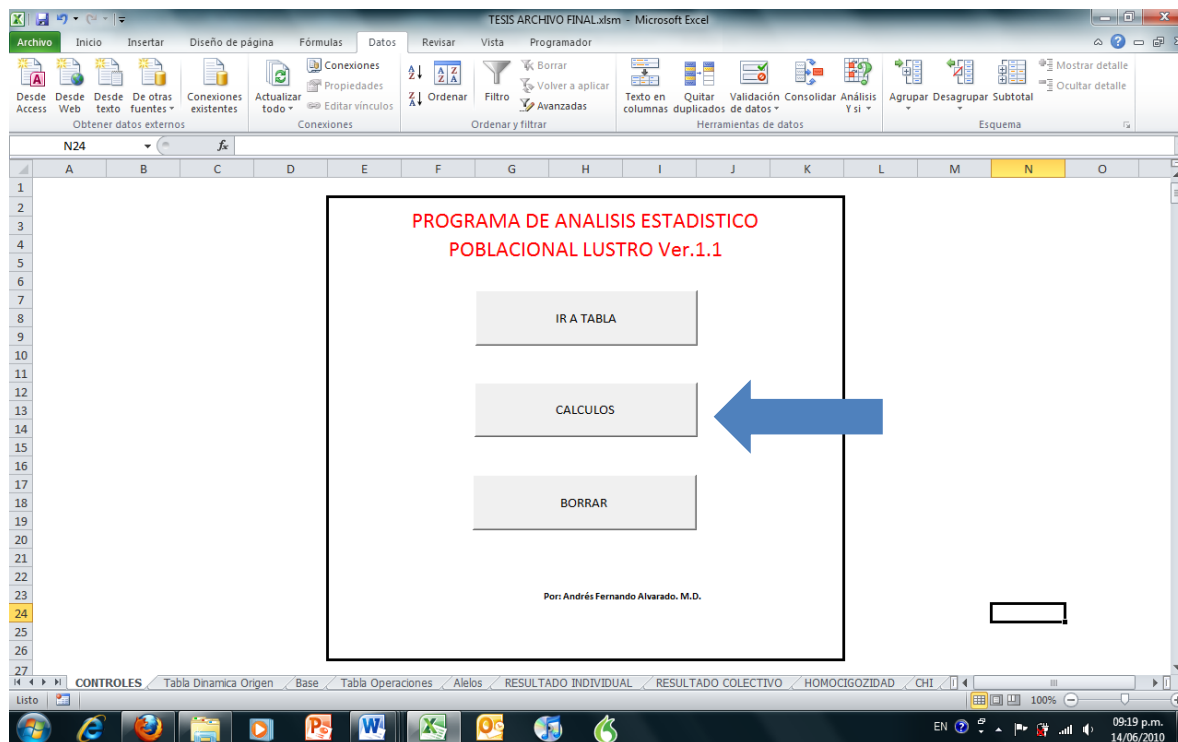
Etiquetas de fila: Penta D
Valores: Cuenta de Pe...

Aplazar actualización d... Actualizar

09:12 p.m. 14/06/2010

- Ahora, al oprimir el botón “cálculos”, en cerca de un minuto, se realizarán las estimaciones pertinentes para el *locus* seleccionado con los filtros deseados, sobre la base de datos y será conducido de manera automática a la siguiente hoja de cálculo llamada “colectivo”.

Ilustración 10 Paso 6



7. Una vez abierta la hoja de cálculo “colectivo”, localice el cursos en la primera celda debajo del nombre del *locus* bajo análisis, pulse el botón derecho del ratón para convertirla en celda activa; luego, pulse el botón “insertar cálculos” con lo cual los datos quedarán insertados dentro de la tabla de trabajo; posteriormente, oprima el botón “borrar” para regresar a la hoja tabla dinámica “origen” y seleccione un nuevo *locus* de interés para realizar nuevos cálculos como se indicó en el paso 4.

B68 **0,99999999930356**

A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y
	Pera D	CSFPO	D18S39	D18S20	D18S37	CSFPO	D18S51	D18S1	TH41	D18S19	FGA	TPOK	D18S19	VVA	F1A01	FESFFS	F1D6	LPL	D18S19	D18S43				
1																								
2	2,2	0,00562																						
3	3,2	0,00068																						
4	4																							
5	5	0,002472																						
6	6																							
7	7	0,004944	0,00272		0,00167	0,004009	0,000386	0,034215					0,003307											
8	8												0,000394											
9	9																							
10	10	0,008307	0,003437	0,00901	0,009222	0,008042	0,005054	0,06352					0,483605	0,003080										
11	11	0,078234	0,01954	0,151515	0,094553	0,183004	0,076205	0,009434	0,001957				0,158275	0,006386	0,009494									
12	12																							
13	13																							
14	14	0,23424	0,279499	0,178378	0,263424	0,058944	0,055599	0,059199	0,006183				0,046083	0,082548										
15	15	0,158011	0,280907	0,26103	0,284489	0,212744	0,418907	0,066384	0,0018				0,294321	0,071693	0,001371									
16	16	0,148331	0,401321	0,265637	0,195331	0,283012	0,270995	0,385322	0,186037				0,006391	0,106633	0,136293	0,001371								
17	17	0,000638																						
18	18	0,104734	0,058664	0,130502	0,023961	0,118599	0,128394	0,09434	0,186037				0,001953	0,004331	0,326541	0,005494								
19	19	0,057478	0,00777	0,017135	0,067569	0,008942	0,081761	0,174634	0,088281				0,000787	0,237838	0,068728									
20	20																							
21	21	0,009327	0,001554	0,000772		0,001544			0,098113	0,158782			0,000394	0,112395	0,094089									
22	22																							
23	23																							
24	24	0,00618					0,000389	0,0610																

Las limitaciones de Lustró v1.1 están en el número de filas disponibles en la hoja de cálculo base, es decir, el número de datos que pueden incluirse para análisis son 1'048.575 registros. Otro de los elementos críticos al analizar información, es el requerimiento de tener Microsoft Excel® instalado en el computador.

8 BIBLIOGRAFIA

1. *Interpretación de anomalías esqueléticas y su contribución a la investigación forense.* **UBELAKER, D.** 33, 2003, Cuadernos de Medicina Forense, págs. 35-42.
2. *Identification and analysis of human remains recovered from wells from the 1991 war in Croatia.* **SLAUS, M. y et al.** 2007., Forensic Science International., Vol. 171, págs. 37-43.
3. *La antropología forense en el DAS.* **ROMEO ARATECO, W. M.** 2, 2005, Revista Exhumar.
4. *Use of anthropological methods in the identification of unknown individuals: Human remains and Armed Robbers.* **PERROT, R.** 1997, Forensic Anthropology, Vol. 14, págs. 161-164.
5. *Paternity and inheritance of wealth.* **HARTUNG, J.** 1980, Vol. 291, págs. 652-654.
6. *Anthropometry in forensic medicine and forensic science- Forensic Anthropometry.* **KEWAL, K.** 1, 2007, The Internet Journal of forensic Science., Vol. 2.
7. **GOODWIN, W., LINACRE, A. y HADI, S.** *An Introduction to Forensic Genetics.* 1. s.l. : Wiley, 2007.
8. **VOGEL, F. y MOTULSKY, A. G.** *Human Genetics Problems and Approaches.* Wurzburg, Alemania. : Springer., 1997.
9. *Heredity and nomenclature of the Rh-Hr Blood types.* **WIENER, A. S.** 3, 1950, Bulletin World Health Organization.
10. *The blood groups. Three fundamental problems-Serology, Genetics and nomenclature.* **WIENER, A. S.** 1, 1966., Blood, Vol. 27, págs. 110-125.
11. *The Hardy Weinberg Principle.* **STARK, A.** 3, 2005., Genetics and Molecular Biology., Vol. 28.
12. **BERG, J., TYMOCZKO, J. y BERG, J.** *Bioquímica.* Barcelona-España : Editorial Reverté, 2003.
13. **DAVIDSON, V. y SITTMAN, D.** *Biochemistry.* Baltimore United States of America. : Lippincott Williams & Wilkins, 1999.
14. **BLULLOCK, J., BOYLE, J. y WANG, M.** *Physiology.* 4. Baltimore United States of America : Lippincott Williams & Wilkins, 2001.
15. *La antropología genética de la población Colombiana.* **ARANGO LUQUE, A. y CAMACHO, G. P.** 2, s.l. : Revista Exhumar, 2005.
16. *Frecuencia de los grupos sanguíneos ABO y Rh en la población laboral del valle de Aburrá y del cercano oriente de Antioquia (Colombia).* **CARMONA-FONSECA, J.** 1, 2006, Acta Médica Colombiana, Vol. 31.

17. **EMERY, A. E. y MUELLER, R. F.** *Principios de Genética Médica*. Madrid, España : Churchill Livingstone, 1992.
18. **ABBAS, A. K. y LICHTMAN, A. H.** *Inmunología celular y molecular*. 5. Madrid-España : Elsevier-Saunders, 2004.
19. *Introduction to statistical analysis of population data in immunogenetics*. **GOURRAUD, P. A., BARNETCHE, T. y VIDAN-JERAS B.** 2005, Transplant Immunology, Vol. 14, págs. 245-253.
20. *Polimorfismos del sistema HLA (loci A*, B* y DRB1*) en población colombiana*. **OSSA, H. et al.** 5, 2007, NOVA, Vol. 7, págs. 25-30.
21. **NUSSBAUM, R. L., MCINNES, R. R. y WILLARD, H. F.** *Genética en Medicina*. Barcelona, España : Elsevier, 2008.
22. *Elementos móviles :¿ Ventaja evolutiva o parasitismo molecular?* **LOPEZ, M. C. y et, al.** 1, 1999, Ars Pharmaceutica, Vol. 40, págs. 5-24.
23. *Expression of LINE-1 retrotransposons in human breast cancer*. **BRATTHAUER, G.L., CARDIFF, R. D. y FANNING, T. G.** 9, 1994, Cancer, Vol. 73, págs. 2333-2336.
24. *L1 Retrotransposons in Human Cancers*. **SCHULZ, W. A.** [ed.] <http://www.pubmedcentral.nih.gov/articlerender.fcgi?artid=1559935>. 2006, Journal of Biomedical Biotechnology.
25. **PASSARGE, E.** *Genética Texto y Atlas*. Buenos Aires, Argentina : Editorial Medica Panamericana, 2004.
26. *Differences and similarities between various tandem repeat sequences: minisatellites and microsatellites*. **DEBRAUWERE, H. et al.** 1997, Biochimie, Vol. 79, págs. 577-586.
27. *genetics and Genomics of core Short Tandem Repeats loci used in human identity testing*. **BUTLER, J.** 2, 2006, Journal of Forensic Science., Vol. 51.
28. *A brief review of short tandem repeat mutation*. **FAN, H. y CHU, J. Y.** 1, 2007, Genomics, Proteomics and Bioinformatics, Vol. 5, págs. 7-14.
29. *Validation of short tandem repeat analysis for the investigation of cases of disputed paternity*. **THOMSON, J. A. et al.** 1999, Forensic Science International, Vol. 100, págs. 1-16.
30. *On human STR sub-population structure*. **ROWOLD, R. J. y HERRERA, D.** 151, 2005, Forensic Science International, págs. 59-69.
31. **UNITED STATES OF AMERICA. FEDERAL BUREAU OF INVESTIGATION.** http://www.fbi.gov/hq/lab/html/codisbrochure_text.htm. *Federal Bureau of Investigation- CODIS*.

[En línea] [Citado el: 4 de Mayo de 2009.]

http://www.fbi.gov/hq/lab/html/codisbrochure_text.htm.

32. *Pros and Cons in the use of SNPs in forensic kinship investigation: A comparative analysis with STRs.* **AMORIM, A. y PEREIRA, L.** 2005, Forensic Science International, Vol. 150, págs. 17-21.

33. *Development of a multiplex PCR assay detecting 52 autosomal SNPs.* **SANCHEZ, J. J. y et al.** 2006, International Congress Series, Vol. 1288, págs. 67-69.

34. *Information disclosure in population-based research involving genetics: A framework for the practice of ethics in epidemiology.* **KRISTMAN, V. y KREIGER, N.** 2008, AEP, Vol. 18, págs. 335-341.

35. *A DNA polymorphism discovery resource for research on human genetic variation.* **COLLINS, F. S., BROOKS, L. D. y CHACRAVARTI, A.** 1998, Genome Research, págs. 1229-1231.

36. *The combined effect of SNP marker and phenotype attributes in genome-wide association studies.* **CHAN, E. K., HAWKEN, R. y REVERTER, A.** 2008, animal Genetics., Vol. 40, págs. 149-156.

37. *SNPs in forensic genetics: a review on SNP typing methodologies.* **SOBRINO, B., BRION, M. y CARRACEDO, A.** 2005, Forensic Science International., Vol. 154, págs. 181-194.

38. *SNPs in paternity investigation: The simple future.* **PAULO, D. y et al.** 2009, Forensic Science International, Vol. Supplement Series 2, págs. 127-128.

39. **NORDNESS, R.** *Epidemiología y bioestadística. Secretos.* s.l. : Elsevier, 2006.

40. *ABC: A useful bayesian tool for the analysis of population data.* **LOPES, M. A. y BEAUMONT, J. S.** 2009, Infection, genetics and evolution., Vol. doi:10.1016/j.meegid.2009.10.010, págs. 1-8.

41. *Bayesian statistics in genetics, a guide for the uninitiated.* **SHOEMAKER, A. et al.** 9, 1999, TIG, Vol. 15, págs. 354-358.

42. *A coalescent simulation of marker selection strategy for candidate gene association studies.* **COLE, S. M. y LONG, J. C.** 147B, American Journal of Medical Genetics, Vol. Part B, págs. 86-93.

43. *Demographic changes and marker properties affect detection of human population differentiation.* **LISTMAN, Jennifer B. y et, al.** 21, 2007, BMC Genetics., Vol. 8.

44. *The DNA revolution in population genetics.* **L., CAVALLI-SFORZA.** 2, 1998, TIG, Vol. 14, págs. 60-65.

45. *Large allele frequency differences between human continental groups are more likely to have occurred by drift during range expansions than by selection.* **HOFER, T. et al.** 2009, Annals of Human Genetics., Vol. 73, págs. 95-108.

46. *Population genetics and molecular epidemiology or how to "debusquer la bete".* **DE MEUSS, T. et al.** 2007, *Infection, genetics and evolution*, Vol. 7, págs. 308-332.
47. *The use of racial, ethnic and ancestral categories in human genetic research.* **BERG, K. et al.** 2005, *American Journal of Human Genetics*, Vol. 77, págs. 519-532.
48. *The distribution of human genetic diversity: A comparison of mitochondrial, autosomal and Y-Chromosome data.* **al, JORDE L.B. et.** 2000, *American Journal of Human Genetics*, Vol. 66, págs. 979-988.
49. *Initial sequence of the chimpanzee genome and comparison with human genome.* **CONSORTIUM, THE CHIMPANZEE SEQUENCING AND ANALYSIS.** 2005, *Nature*, Vol. 437, págs. 69-87.
50. *Distributions of Hardy-Weinberg Equilibrium Test Statistics.* **RHOLFS, R. y WEIR, B. S.** s.l. : Genetics, 2008, Vol. 180.
51. *Statistical Analysis of STR Data.* **HUSTON, K. A. et al.** [ed.] Promega. s.l. : GenePrint, 1998, Profiles in DNA., págs. 14-15.
52. *Computerized polymorphic marker identification: Experimental validation and a predicted human polymorphism catalog.* **FONDON III, J. W. et al.** 1998, *PNAS*, Vol. 95, págs. 7514-7519.
53. *Genome-wide association study of CNVs in 16000 cases of eight common diseases and 3000 shared controls.* **The Wellcome Trust Case Control Consortium.** 2010, *Nature*, Vol. 464, págs. 713-722.
54. **CEBALLOS, F. J.** *Microsoft Visual Basic.Net Lenguaje y aplicaciones.* 2da. Edición. Mexico. : Alfaomega Ra-Ma, 2007.
55. *An integrated software for population genetics data analysis.* **EXCOFIER, L. G., LAVAL, G. y SCHNEIDER, S.** 2005, *Evolutionary Bioinformatics Online*, Vol. 1, págs. 47-50.
56. **LEWIS, P.** Paul Lewis Phylogenetics. [En línea] 11 de 01 de 2008. [Citado el: 04 de 11 de 2009.] <http://hydrodictyon.eeb.uconn.edu/people/plewis/software.php>.
57. Genedrift.org. [En línea] [Citado el: 04 de 11 de 2009.] <http://genedrift.org/winpop.php>.
58. **PROMEGA CORP.** Promega. [En línea] 2009. [Citado el: 04 de 11 de 2009.] <http://www.promega.com/Catalog/CountrySelect.aspx?returnurl=/geneticidtools/powerstats/Default.htm>.
59. **ARIAS, R.** *Macros en Excel con Visual Basic Applications.* Bogotá : Computer Learning Center, 2005.

60. **PALLEROLA, J.** *Las macros en Microsoft excel*. 1ra edición. Mexico D.F. : Alfaomega Ra-Ma, 2007.

61. **Soporte Microsoft**. <http://support.microsoft.com/kb/257757/es>. [En línea] 04 de 03 de 2008. [Citado el: 16 de 06 de 2010.]

