

UNIVERSIDAD DEL SURESTE

Técnicas básicas para el estudio de
marcadores genéticos en criminología
Valente Trujillo Sandoval

 UDS Mi Universidad

 @UDS_universidad

www.uds.mx

Mi Universidad

Tel. 01 800 837 86 68

Herramienta indispensable en la investigación

tipificación del ADN en las muestras, con el fin de identificar la identidad o realizar estudios comparativos del patrón genético del cadáver con las muestras obtenidas en el lugar del hecho o durante la realización de la autopsia.



Los materiales cadavéricos que ofrecen mejores resultados para estos estudios son

piel



*músculo
esquelético*



*huesos con
médula ósea*



cabellos



*piezas
dentarias*

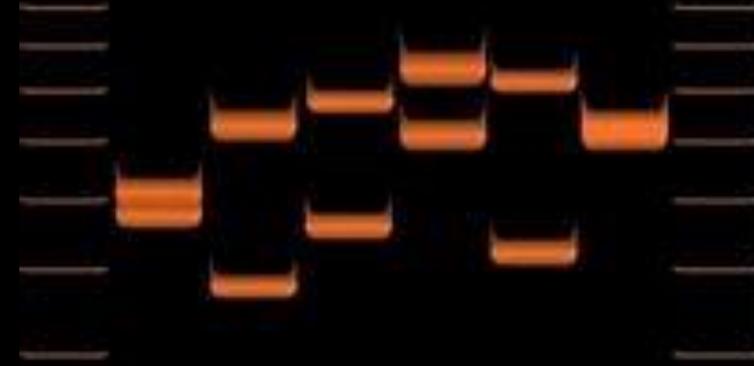


Huella genética de DNA por múltiples locus

Los minisatélites,

caracterizados por su número variable de repetidos en tandem

podían detectarse por autorradiografía luego del corrimiento electroforético e hibridación a través de Southern blots en DNA genómico que era digerido con enzimas de restricción, y que servía como sonda, método conocido como polimorfismo de longitud de fragmentos de restricción



Las secuencias compartidas entre los diferentes *loci* de los minisatélites permitían a las sondas detectar muchos minisatélites en forma independiente y simultánea, lo cual daba lugar a variados patrones de bandeo

Huella genética de DNA por un sólo locus

sondas dirigidas a alelos de forma específica, debido a ello, el patrón de bandeo para uno *locus* se simplificaba, una banda en individuos homocigotos y dos bandas en individuos heterocigotos

El nuevo método se llamó huella genética de DNA unilocus o SLP

uso de VNTR que aplicaban sondas unilocus. Fue con los VNTR unilocus que se hizo la primera investigación criminal basada en DNA

Métodos basados en PCR

copiar un fragmento de DNA en millones de veces y luego, ya en cantidad suficiente, hacer con él lo que se desea. Hasta este punto puede parecer simples, si se necesita DNA se amplifica y listo.

Perfiles de STR autosomales

comprenden marcadores requeridos por el Sistema de Índices Combinado de DNA de los EUA que contiene 13 STR, más un marcador para la amelogenina que se emplea en la determinación de sexo.

Los nuevos sistemas multiplex son capaces de amplificar más de 15 *loci* en una sola reacción, además del marcador de la amelogenina.

equipos multicanales de electroforesis capilar que se utilizan para detectar productos de PCR marcados con fluorescencia; los analizadores genéticos recurren a software de análisis bioinformático con objeto de reducir los posibles errores del operador.

SNP autosomales

Los polimorfismos de un solo nucleótido o SNP

son variaciones de secuencia de DNA debidas al cambio de una sola base.

permite identificar variantes que han conseguido fijarse de forma significativa en una población

70 SNP como mínimo para que exista una equivalencia con los 13 *loci* STR que comprende el CODIS.

pueden detectarse en fragmentos muy pequeños de DNA.

Cromosoma Y

cromosoma sexual siempre presente en los varones.

puede ser identificado en delitos cometidos contra mujeres, a pesar de encontrarse en una mezcla de células femeninas y masculinas, y que los métodos convencionales de perfiles autosomales no pueden resolver.

En una violación, los métodos de lisis diferencial permiten, a menudo, la obtención de un perfil autosómico para un violador, pero el violador vasectomizado o azoospermico natural no deja ningún espermatozoide; en tales casos, el perfil específico del cromosoma Y es eficaz, además de que puede ser detectado en un exceso de hasta 4000 veces más DNA femenino.

Otra de las ventajas del cromosoma Y es que, en violaciones múltiples, es posible obtener información sobre el número de atacantes al estimar el número de haplotipos.

DNA mitocondrial

el análisis de muestras de DNA antiguo, en general degradado, además de emplearse en muestras con pequeñas cantidades de DNA, por lo que su estudio suele incluirse en casos en los que la cantidad de muestra es el condicionante a vencer.

La práctica normal de su análisis suele reducirse a la secuencia de dos segmentos de la región de control, los cuales son polimórficos, y se conocen también como regiones hipervariables I y II

Gracias al DNA mitocondrial es posible analizar pequeñas cantidades de huesos muy antiguos y muestras de fibras pilosas, que en muchos casos no cuentan con cantidad de DNA nuclear suficiente para ser analizado.

Otras aplicaciones

Deducción de la población de origen

Se sabe que la mayor variabilidad genética se encuentra dentro de las poblaciones humanas

haplotipos de cromosoma Y y DNA mitocondrial permiten mostrar una fuerte diferencia geográfica, por lo que contienen la información requerida para inferir la población de origen

Los genotipos multilocus basados en tales marcadores, también llamados marcadores informativos de ancestría o AIM parecen ser la clave para deducir una población de origen.

Información fenotípica

Entre los genes mejor estudiados se encuentran los que codifican y modulan los pigmentos negro/marrón y rojo/amarillo que componen la eumelanina y feomelanina, respectivamente, y que determinan en consecuencia el color del cabello, los ojos y la piel.