

Plataformas de STR Extendida: Una Solución a la Baja Resolución en la Identificación de Vínculos de Parentescos Genéticos Complejos

A. Badillo¹; S. Reyes¹; A. Torres¹; M. Gavilan¹

1. Unidad de Paternidad, Parentesco e Identidad Humana – Laboratorios BIO LINKS S.A.

INTRODUCCIÓN

La criminalidad y violencia han alcanzado escalas sin precedentes en América Latina en los últimos años. En el Perú, las principales economías ilegales asociadas a redes criminales son: minería ilegal, trata de personas, narcotráfico, extorsión, entre otras (1). Las desapariciones de personas y los homicidios son manifestaciones directas de estas actividades delictivas. Al cierre del 2024, se reportaron un total de 17737 personas desaparecidas, habiendo sido ubicadas 9286, entre vivos y fallecidos (2). Además, se reportaron 2011 asesinatos, 34% más que el año anterior, y 1125 fueron resultado del sicariato (3). Para las autoridades resulta complejo establecer la identidad de las personas cuando fueron sustraídas del entorno familiar, movilizadas a través de frontera, victimadas en crímenes violentos, entre otros.

Las regiones STR (Short Tandem Repeats), son secuencias cortas de ADN de carácter polimórfico que se distribuyen a lo largo del genoma humano, que siguen patrones de herencia mendeliana. Su aplicación en la ciencia forense, hace posible generar perfiles genéticos únicos para cada individuo, estableciendo la identidad de una persona y filiación a grupos familiares. No obstante, la baja resolución que ofrecen las plataformas de análisis STR convencionales, limitadas a paneles de 15 a 28 loci reduce la solidez de los valores de probabilidad, y obliga a incorporar familiares para alcanzar niveles de certeza aceptables, dificultando la resolución de casos de parentesco indirecto o familias fragmentadas. De ese modo, el uso de plataformas STR extendidas maximiza la resolución de casos, permitiendo reducir el número de familiares, con índices de verosimilitud (LR) con mayor grado de certeza (4).

En este sentido, la genética forense aparece como una herramienta científica para la resolución de casos de identificación de personas vivas o fallecidas, cuando no se puede alegar con certeza un vínculo, que brinda evidencia sólida en procesos civiles y penales. Especialmente cuando el análisis se ve afectado por la ausencia de los progenitores o el número de familiares disponibles es limitado.

OBJETIVO

Evaluar la eficacia de una plataforma ampliada de análisis de hasta 60 loci STR para incrementar la precisión en la determinación de vínculos biológicos en casos de parentesco, reduciendo la necesidad de ampliar el grupo familiar sobre la búsqueda de personas.

MATERIALES Y METODOS

Se analizaron un total de 135 casos de parentesco, correspondientes a casos de vínculos de parentesco, recibidas durante el periodo 2023 al 2024. Las extracciones de ADN se realizaron a partir de muestras de sangre (COPAN-NUCLEI CARD) e hisopados bucales. El proceso de extracción de ADN de muestras de hisopado bucal fue realizado por medio de lisis directa con el Buffer Swab Solution (PROMEGA). Las muestras de sangre fueron amplificadas por método de PCR-Directo. Cada muestra fue amplificada mediante el uso del termociclador SimpliAmp de la marca ThermoScientific.

El análisis de los loci autosómicos STR (Short Tandem Repeats) se realizaron mediante el uso de los kits: VeriFiler™ Express, GlobalFiler™ y Microreader™ 23sp, complementadas con un panel STR in-house desarrollado por BIO-LINKS, diseñado para ampliar la resolución de loci hasta un total de 60 marcadores STR. La PCR se llevó según las recomendaciones de cada fabricante mediante electroforesis capilar: ABI 3500 Genetic Analyzer.

El análisis genético se realizó con el software GeneMapper versión 1.4. Los cálculos de índice de verosimilitud (Likelihood Ratio ó LR) se efectuaron con el programa Familias versión 3.3, aplicando frecuencias alélicas correspondientes a la población de referencia de estudio (peruana y latinoamericana). Todos los análisis se efectuaron con una corrección de subestructura poblacional de $\Theta = 0.01$.

RESULTADOS

Se analizaron un total de 135 casos de parentesco, cuya distribución por categoría se presenta en la Figura 01. Los tipos de parentesco más frecuentes fueron los casos de media hermandad (47%), hermandad completa (21%) y tío-sobrino (15%), lo que refleja la diversidad de relaciones familiares estudiadas.

La Figura 02 muestra la eficacia de las pruebas de parentesco según el número de parientes incluidos en el análisis. Se observó una mayor tasa de resolución en los casos donde participaron múltiples parientes en comparación con aquellos basados únicamente en un solo familiar.

En particular, las pruebas con dos o más parientes mostraron una mayor capacidad discriminativa, lo cual resultó fundamental para resolver casos complejos. Además, se observó una mayor tasa de resolución en los casos donde participaban pocos parientes, especialmente cuando se combinaba un mayor número de marcadores genéticos analizados. Este factor incrementó significativamente la capacidad discriminativa de las pruebas.

CONCLUSIONES

La implementación de una plataforma extendida de hasta 60 marcadores STR incrementa la tasa de resolución de casos de parentesco biológico por encima del 95%. Incrementar el número de marcadores analizados permite obtener índices de verosimilitud (LR) más robustos, y establecer relaciones de parentesco con mayor grado de certeza, superiores al 99.99%. Esta mejora técnica, permite reducir la necesidad de incluir un grupo familiar extenso en los procesos de identificación, optimizando los recursos disponibles y acelerando la localización e identificación de personas, brindando así un respuesta forense estratégica y eficiente ante los desafíos de la realidad peruana.

BIBLIOGRAFIA

- División de Estadística de la DIRTIC PNP (2024) SIDPOL PNP
- Valdés, R., Basombrio, C. y Vera, D. (2022) Las economías criminales y su impacto en el Perú. ¿Cuáles? ¿Cuánto? ¿Dónde? ¿Cómo? (2ª ed.)
- El comercio (2025) Sangriento 2024 cerró con más de 2 mil homicidios en el Perú: en promedio cada cinco horas fue asesinada una persona
- Zhang Q, Wang X, Cheng P, Yang S, Li W, Zhou Z, Wang S. (2022) Complex kinship analysis with a combination of STRs, SNPs, and indels. Forensic Sci Int Genet;61:102749. doi: 10.1016/j.fsigen.2022.102749.

Figura 01: Distribución de casos de parentesco analizados

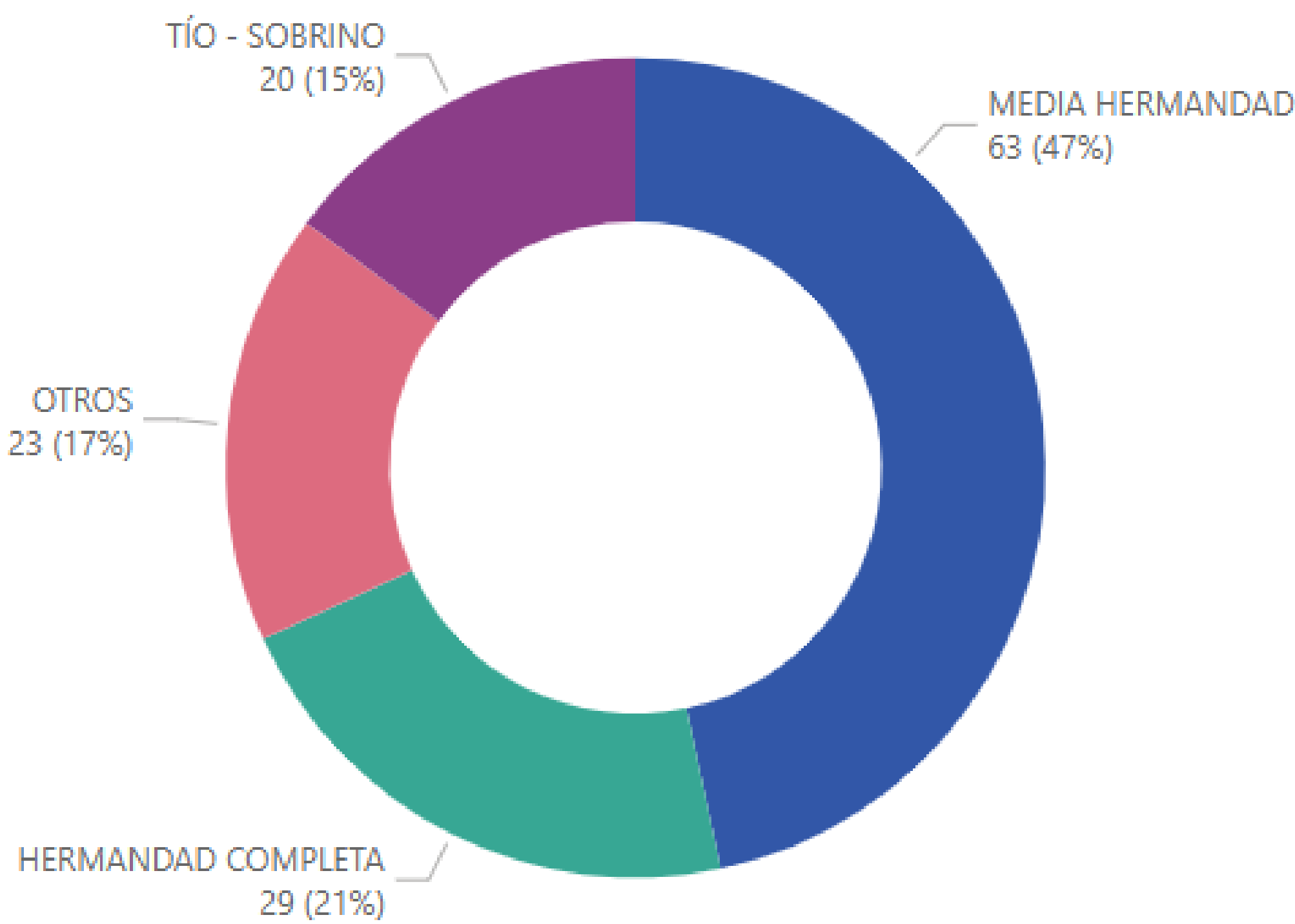
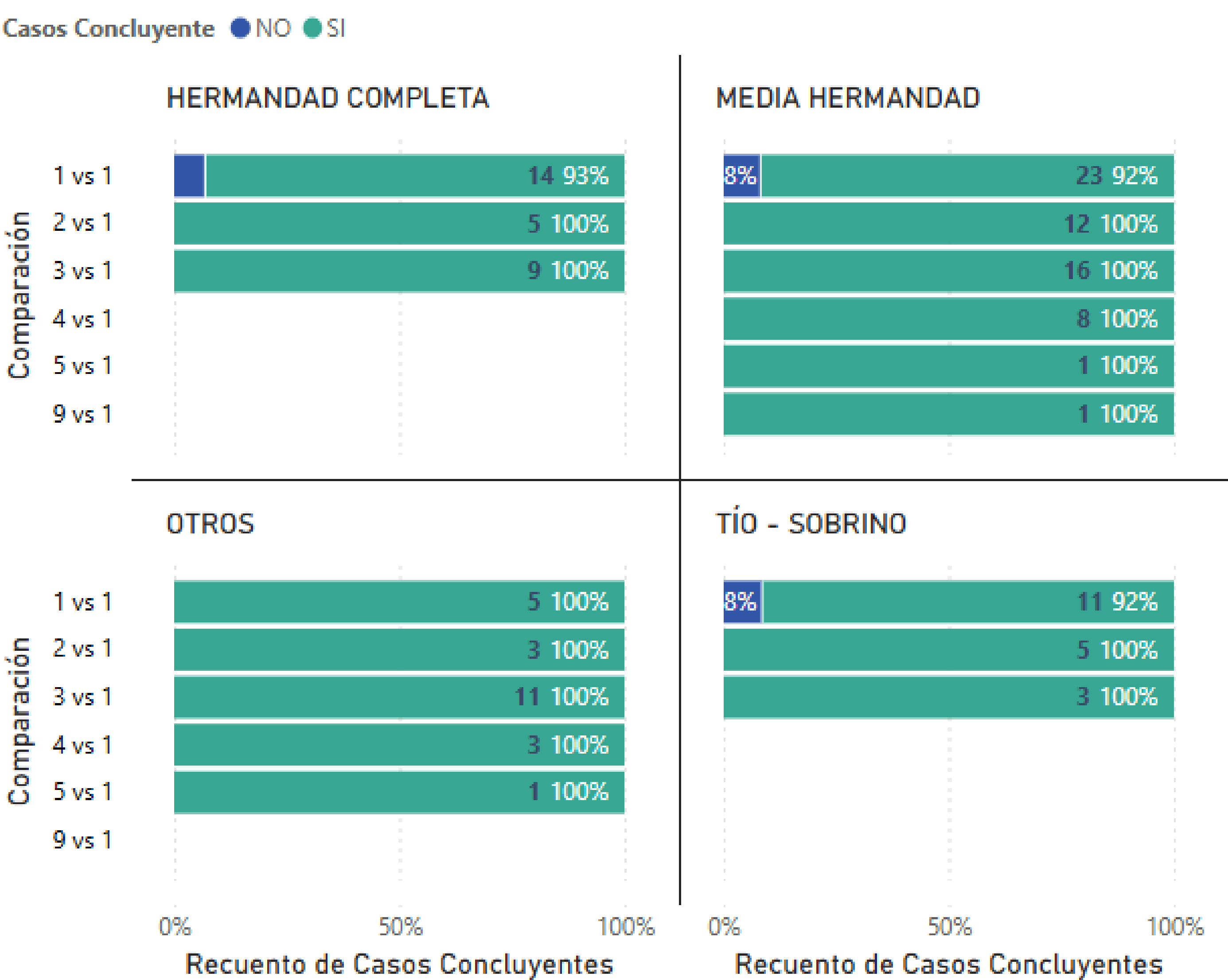


Figura 02: Eficacia de las pruebas de parentesco por categoría



Descárgalo aquí



Contacto a mgavilan@biolinksperu.com
Cel: 998453277
Tel: 2614411 Anexo 220