

RESULTADOS CONTROL SLAGF 2004

Laboratorios participantes:

33 (treinta y tres)

Detalle:

Argentina (11 laboratorios)

Colombia (5)

Brasil (4)

Perú (3)

Uruguay (3)

Costa Rica (2)

México (2)

Venezuela (2)

Honduras (1)

Resultados obtenidos:

Entregaron resultados: 31 laboratorios (94%)

Se logró consenso en 35 marcadores, todos ellos microsatélites (ver al final):
21 autosómicos, amelogenina, HPRTB (cromosoma X) y 12 Y-STRs.

Tipificación:

Todo correcto: 26 laboratorios (83,9%)

Con un error: 2 laboratorios (6,4%)

Con más de un error: 3 laboratorios (9,7%)

Error total en la tipificación: se analizaron 618 STRs, con 12 errores (1,94%).

Estadística:

14 laboratorios responden el ejercicio teórico (45,2%).

10 laboratorios realizan algún cálculo con la mutación (32,3%).

3 laboratorios no incluyen la mutación en el cálculo, pero la mencionan (9,7%).

1 laboratorio no menciona la mutación (3,2%).

SOLO 4 LABORATORIOS REALIZAN UN CALCULO "CORRECTO" (12,9%)

RESULTADOS "CORRECTOS" (consenso tres o más laboratorios)**OPCION 1:**

	Muestra 1	Muestra 2	Muestra 3
D3 S1358	15 - 18	15 - 18	16 - 16
THO1	6 - 9.3	8 - 9.3	7 - 7
D21 S11	29 - 30	29 - 29	32.2 - 32.2
D18S51	12 - 19	19 - 20	16 - 16
PENTA E	13 - 16	13 - 16	7 - 10
D5 S818	12 - 12	10 - 12	12 - 13
D13 S317	9 - 12	9 - 9	12 -14
D7 S820	9 - 9	9 - 11	11 - 12
D16 S539	10 - 11	11 - 11	9 - 12
CSF1PO	10 - 12	10 -11	10 - 11
PENTA D	9 - 9	9 - 10	10 - 11
vWA	17 - 18	17 - 17	16 - 19
D8 S1179	13 - 14	13 - 14	10 - 13
TPOX	8 - 10	10 - 11	8 - 8
FGA	20 - 25	20 - 21	19 - 25
AMELOGENINA	XY	XY	XY
F13A01	6-7	3.2-6	6-6
F13B	8-10	9-10	8-10
LPL	10-13	10-11	10-12
FESFPS	12-12	11-12	12-12
D2S1338	17-17	17-17	17-19
D19S433	13-15	14-15	13-13.2
HPRTB	12	13	14
DYS19	13	13	14
DYS390	23	23	25
DYS391	10	10	11
DYS392	11	11	13
DYS393	12	12	13
DYS385a-b	14-18	14-18	11-14
DYS389 I	13	13	12
DYS38911	29	29	28
DYS438	9	9	12
DYS437	14	14	15
DYS439	13	13	12

OPCION 2:

M1 y M2 son padre e hijo; M3 es un individuo no relacionado.

OPCION 3:

a) Índice y Porcentaje de Paternidad entre las muestras remitidas: este cálculo depende de los marcadores analizados por cada laboratorio participante.

b)

Marcador	m	H	P	M	INDICE
D8S1179	11-12	12-13	12-13	10-12	0,8197
D18S51	13-14	13-14	13-17	14-17	1,8587
D3S1358	15-15	15-18	17-17	14-16	0,0064 (*)
VWA	14-18	14-16	16-18	17-18	1,2500
D16S539	10-10	10-11	9-13	11-13	0,7788
TH01	8-8	8-9.3	6-9.3	8-9.3	1,3587
FGA	19-20	19-22	20-22	20-21	1,1415
D5S818	11-12	12-13	12-13	11-12	1,7730
D13S317	9-12	9-9	9-11	11-12	3,3333
D7S820	10-12	10-12	10-12	10-12	2,4450
CSF1PO	10-11	11-11	10-12	11-12	0,8306
Índice (sólo autosómicos)					0,1767
Sólo haplotipo de cromosoma Y					413,6428
Índice Final					73,0907
Probabilidad					98,6503%

(*) Sólo 4 laboratorios efectuaron el siguiente cálculo, considerando la tasa de mutación 0,13% (AABB Report): $(1 \times 0,0013 \times 0,5 + 0,5 \times 0,0013 \times 0,5) / 0,152$. Los restantes realizan otros cálculos (sin consenso), o directamente no incluyen la mutación en el cálculo y obtienen un IP residual.