

Los marcadores de repetición corta en tándem como herramienta para estudios en salud pública en México

Martin Abraham Reyes-Lara,¹ Crystian Sadiel Venegas-Barrera,²
Víctor Jorge Horta-Vega,³ Ángel Emmanuel Villanueva-Chimal,⁴
Juan Flores-Gracia,⁵ Netzahualcoyotl Mayek-Pérez⁶

Short tandem repeat markers as a tool for public health studies in Mexico

Recibido: 14 de enero de 2025
Aceptado: 19 de marzo de 2025

Resumen

Las repeticiones cortas en tándem (STR) o microsatélites, son secuencias de ADN de 2-7 nucleótidos que se repiten en el genoma humano. Los STRs permiten estudiar enfermedades, la estructura de la población y estudios forenses. En esta revisión se analizaron los estudios donde se aplicaron STRs en medicina y salud pública. En 834 publicaciones en PubMed (1993-2024), las dos principales aplicaciones de los STRs fueron obtener frecuencias alélicas y la genética de poblaciones. El país con más artículos fue China (256). En la década del 2010 se publicaron 40 artículos en promedio por año. Se encontraron 47 artículos relacionados con 29 enfermedades, padecimientos y/o trastornos. La mayor cantidad de artículos en enfermedades se realizaron con poblaciones de Irán (4), México (3) y China (2); las enfermedades más frecuentemente estudiadas fueron el Cáncer, Distrofia muscular y Aneuploidías autosómicas. En México, los STRs se aplicaron en Lepra Lepromatosa y la psoriasis en placas. Su uso en el estudio de enfermedades y estudios (identificación, genética de poblaciones, búsqueda de personas) serán los más frecuentes en el corto y mediano plazos, obteniendo información útil en estrategias y políticas en salud pública, y así mejorar la calidad de vida de los mexicanos.

PALABRAS CLAVE

Genética humana, Enfoque científico, Enfermedad.

Abstract

Short tandem repeats (STRs), or microsatellites, are DNA sequences of 2-7 nucleotides that repeat in the human genome, besides STRs allow for the study of diseases, population structure, and forensic studies. This review analyzed studies where STRs were applied in medicine and public health. Among 834 publications in PubMed (1993-2024), the two main applications of STRs were obtaining allele frequencies and population genetics. The country with the most articles was China (256). In the 2010s, an average of 40 articles were published per year. A total of 47 articles were found related to 29 diseases, conditions, and/or disorders. The highest number of articles on diseases were conducted with populations from Iran (4), Mexico (3), and China (2). The most frequently studied diseases were Cancer, Muscular Dystrophy, and Autosomal Aneuploidies. In Mexico, STRs were applied to Leprous Leprosy and plaque psoriasis. Therefore, the use of STRs in the study of diseases and research (identification, population genetics, missing person searches) will be the most common in the short and medium term, providing useful information for strategies and policies in public health in order to improve the life quality for Mexicans.

KEY WORDS

Human genetics, Scientific approach, Disease.

¹ Instituto Tecnológico Nacional de México, México. ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-3825-2353> ² Instituto Tecnológico Nacional de México, México. ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-4290-0838> ³ Instituto Tecnológico Nacional de México, México. ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-5360-2684> ⁴ Logística y Tecnologías para Laboratorios S.A. de C.V., México. ORCID: <http://orcid.org/0009-0009-2081-2392> ⁵ Instituto Tecnológico Nacional de México, México. ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-3490-6391> ⁶ Centro de Biotecnología Genómica-Instituto Politécnico Nacional, Reynosa, México. ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-6960-6287>. Correo electrónico: nmayek@ipn.mx

Introducción

Las repeticiones cortas en tándem (STRs) son secuencias simples de ADN con una longitud que va de dos a siete nucleótidos que se repiten numerosas veces a lo largo del genoma, también son conocidos como microsatélites.^{1,2} Los sistemas de análisis incluyen, en su mayoría, marcadores autosómicos³ y en menor medida marcadores de los cromosomas X y Y asociados a los linajes materno y paterno respectivamente.⁴ Los STRs están presentes en todos los organismos, por ejemplo, la mitad del genoma humano consta de repeticiones que se consideraban no funcionales.⁵ Los marcadores STRs se encuentran en regiones no codificantes y, se supone que por ello carecen de relación con rasgos fenotípicos en las personas.⁶

Las repeticiones en tándem se comenzaron a estudiar en Estados Unidos en la década de 1960, con la propuesta del deslizamiento del ADN para explicar su alto grado de mutación.^{7, 8} La versatilidad de los marcadores STRs permite aplicarlos en cualquier población del planeta, incluso China, el país con más diversidad étnica y lingüística.⁹ Sin embargo, fue en Inglaterra donde cobraron relevancia al usarse para resolver investigaciones forenses y apoyar en casos legales.^{10,11} Hasta la década de 1990 la mayoría de los estudios se enfocaron en establecer una relación directa entre estos y alguna función en los organismos, particularmente de algo que se consideraba como ADN “basura”.¹² Sin embargo, existen evidencias que sugieren que desempeñan un papel importante en muchos organismos en procesos tales como la expresión genética.⁷ A comienzo del siglo 21 marcó el aumento en la tipificación de ADN a través de la caracterización de los perfiles genéticos en personas, con el uso de los STRs en casos legales.¹³ En los últimos 30 años sus aplicaciones se enfocaron en la identificación de personas, así como en estudios de caso en el ámbito forense,¹⁴ análisis en desastres,¹⁵ genética de poblaciones,¹⁶ estudios de ancestría,¹⁷ procesos migratorios¹⁸ y la asociación con enfermedades.¹⁹

Los primeros marcadores STRs que se utilizaron no ofrecían información médica relevante; sin embargo, estudios más profundos de la estructura genética de las poblaciones y características específicas sugieren una asociación con enfermedades.²⁰ La secuenciación del genoma humano condujo al desarrollo de estudios de asociación del genoma completo (GWAS) y estudios de polimorfismos de un solo nucleótido (SNP), mismo que revelan información sobre las variaciones genéticas con potencial interés médico con los STRs.²¹ La aplicación en América Latina se enfoca principalmente en el ámbito forense.²² En México, los STRs se utilizan principalmente con fines forenses en la identificación de seres humanos,²³ en la determinación de parámetros forenses,²⁴ análisis de escenas del crimen forense,¹⁴ relaciones de parentescos,²⁵ linajes y en la definición de estructuras poblacionales.²⁶ Los usos médicos de los STRs en México son reducidos, a pesar del amplio uso que se les puede dar. Por ello, es necesario realizar una revisión histórica de los usos que se le da en la medicina en otras regiones del mundo que se puedan aplicar a las poblaciones mexicanas. La revisión permitirá a los interesados en la medicina en México identificar el área de oportunidad en sus respectivas disciplinas y generar información que sirva para mejorar la calidad de vida de los mexicanos.

Métodos

La revisión documental se realizó en el repositorio digital de PubMed (<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/advanced/>). La búsqueda de artículos se llevó a cabo con las palabras en inglés “STR”, “Human” y “Genetic” y con el término de consulta “Title/Abstract”. La búsqueda se desarrolló del 16 de septiembre al 18 de octubre del 2024. Los artículos resultantes de la búsqueda se clasificaron en diez categorías de aplicación: Base de Datos (BD), Desarrollo de STR (DSTR), Estudio de Caso (EC), Frecuencias Alélicas (F), Genética de poblaciones (GP), Método

y/o Técnica de Biología Molecular (MTBM), Relación con enfermedad (RE), Revisión Sistemática (REV), Software (S) y Variación Genética (VG).

La categoría de Bases de Datos consiste en el análisis y desarrollo de bases de datos para análisis de poblaciones. Los artículos agrupados en la categoría de Desarrollo de STR se relacionan con la generación de marcadores autosómicos, de cromosoma X y Y, multi-especies y mezclas con la intención de analizar poblaciones para aplicarse en el área forense. La categoría de Estudio de Caso presenta artículos enfocados en la aplicación de STR para el análisis forense de relaciones de parentesco y evidencias, así como el análisis de víctimas de desastres. Los artículos agrupados en la categoría de Frecuencias consisten en la determinación de frecuencias alélicas de marcadores autosómicos, y de los cromosomas X y Y presentes en diferentes poblaciones de estudio. La categoría de Genética de poblaciones abarca artículos cuyo objetivo es establecer la variación y distribución alélica de las poblaciones, comparándola entre varias poblaciones de estudio y con algunas poblaciones de referencia utilizando diferentes sistemas de STRS donde se consideran, generalmente, factores étnicos, lingüísticos y/o geográficos. Los artículos agrupados en la categoría de Método y/o Técnica de Biología Molecular incluyen trabajos con la aplicación, desarrollo, validación y evaluación de procesos de laboratorio de los STRS en diferentes modelos de estudio y diferentes sistemas de marcadores. La categoría de Relación con enfermedad incluye los artículos donde se investiga una enfermedad con STRS, ya sea para su diagnóstico, asociación directa, variación y/o monitoreo. Los artículos de la categoría de Revisión Sistemática se enfocan en diferentes perspectivas de los STRS, tales como su aplicación, debilidades, funcionalidad y/o recomendaciones asociadas con el área forense. La categoría de Software incluye las publicaciones asociadas con desarrollos, análisis y evaluación de software para el procesamiento automático de marcadores de diferentes sistemas. Por último, los artículos categorizados en Variación Genética abarcan temas de tipificación y caracterización de las variaciones genéticas de los marcadores STRS, así como el análisis de mutaciones de diferentes sistemas de marcadores.

Las categorías se asignaron a partir de la aplicación dada a los STRS, para analizar las tendencias y los temas de investigación en los últimos 30 años en diferentes regiones del mundo. Los artículos se organizaron por década de publicación y por el continente de origen, para identificar las tendencias de estudio a través de los años y en cada región geográfica. Cabe señalar que se excluyeron los trabajos correspondientes a especies diferentes a *Homo sapiens*. El listado de artículos fue capturado en una base de datos de Microsoft® Excel® (versión 2410, compilación 16.0.18129.20158) y se encuentran disponibles como material suplementario al presente manuscrito.

Análisis estadístico: la información de la búsqueda bibliográfica se sujetó al análisis correspondencias para asociar las categorías de aplicación de los STRS con las décadas de publicación, así como entre el uso con el continente en donde se realizó el estudio. Las categorías de los continentes fueron África (A), América (AM), Asia (AS), Europa (E), Oceanía (O) y sin información de procedencia (NE). Las variables de década de publicación fueron 1990, 2000, 2010 y 2020. El análisis se efectuó con el software PAST (ver. 4.02).²⁷

Desarrollo

La revisión incluyó, en principio, 834 artículos relacionados con los STRS aplicados en humanos y que se encontraron en la base de datos de PubMed. El uso más frecuente de los STRS fue la obtención de frecuencias alélicas (F); le siguen las aplicaciones en estudios de genética de poblaciones (GP), en tercer lugar, su uso como métodos y/o técnicas de biología molecular (MTBM). Las categorías de aplicación de los STRS relacionadas con el estudio de alguna enfermedad (RE) y el desarrollo de STR (DSTR) fueron 47 y 41 artículos, respectivamente. El número de artículos aplicados donde los STRS se usaron para analizar la variación genética

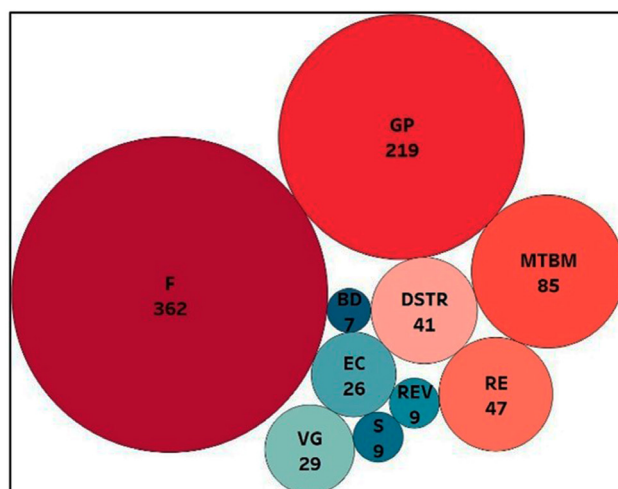
(vg) fue 29 y los aplicados a estudios de caso (ec) fue de 26 artículos. Las categorías menos usadas fue software (s), revisiones sistemáticas (rev) y bases de datos (bd) (Fig. 1).

Los estudios se realizaron en poblaciones de 94 países, de los cuales China fue el país que registró el mayor número de artículos (256). Los países con más de 10 artículos publicados de mayo del año 1993 a octubre del 2024 fueron la India (33), Brasil (23), Estados Unidos (15), Italia (14), Japón (13), Irán (12), México (11), Polonia (11) y Corea del Norte (10). El resto (84 países) contaron con menos de 10 artículos (Fig. 2). El 20 % de los artículos omitió especificar el origen de la población y el 8 % fue aplicado en poblaciones de varios países.

La asociación entre el continente de donde se obtuvo la población con la categoría de uso de STRs fue significativa (X^2 g.l. 54=392.35, $p<0.0001$). El análisis de correspondencias explicó en dos dimensiones 96.81 % de la variación de las categorías de aplicación asociadas con el continente de donde se obtuvo la población para el estudio. Así mismo, la asociación entre la década en la que se publicó el artículo con respecto a la categoría de uso de los STRs fue significativa (X^2 g.l. 27=81.28, $p<0.0001$). El análisis de correspondencias explicó en dos dimensiones 96.21 % de la variación de las categorías de aplicación asociadas con la década de publicación. Los artículos generados en poblaciones humanas del continente asiático relacionados con STRs fueron las más abundantes, seguidos de los generados en Europa y América (Fig. 3). Los artículos que omitieron presentar la población humana analizada usaron con mayor frecuencia los STRs en las

Figura 1

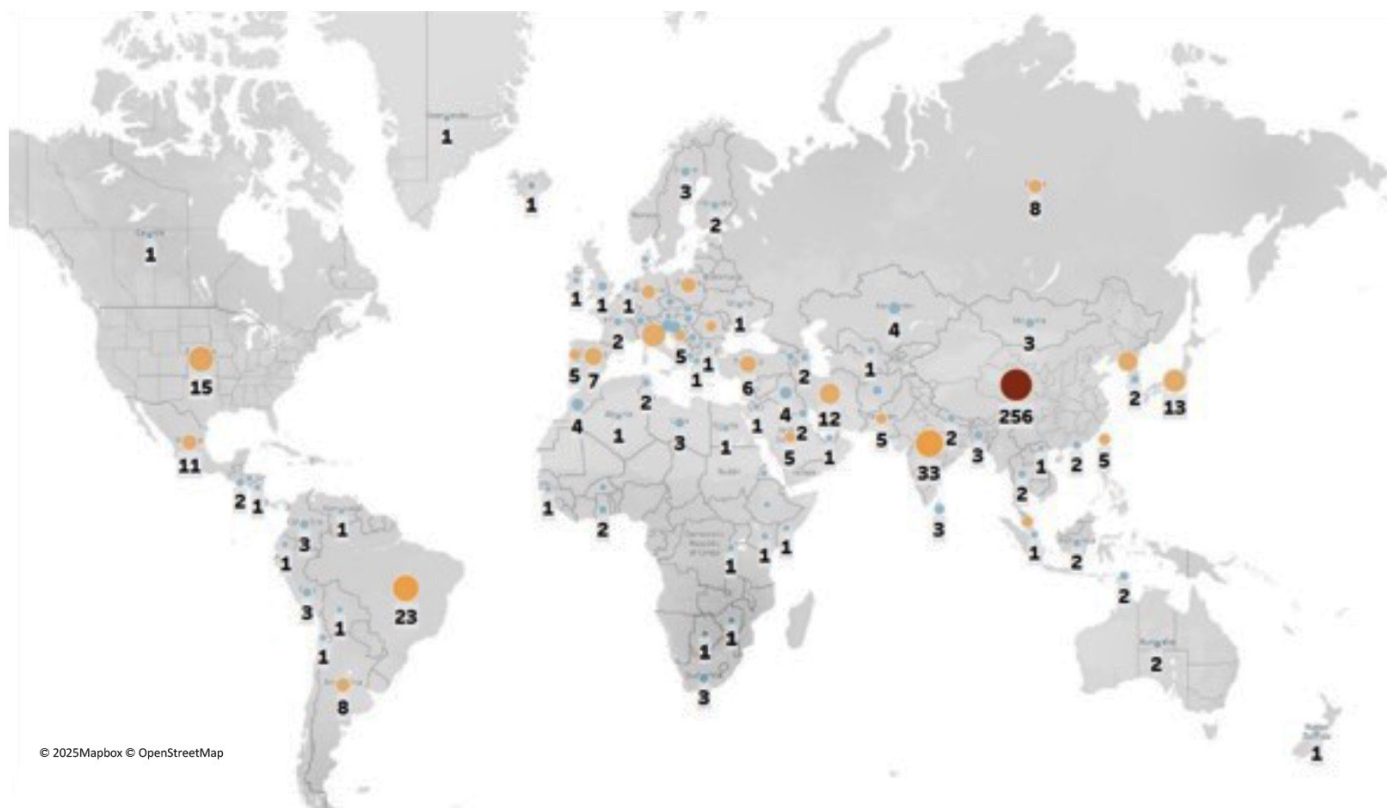
Artículos por categoría de uso de STRs según la base de datos Pub-Med, el tamaño del círculo es proporcional al número de artículos



Fuente: Elaboración propia.

Figura 2

Número de artículos que usaron marcadores STRs por país



Fuente: Elaboración propia.

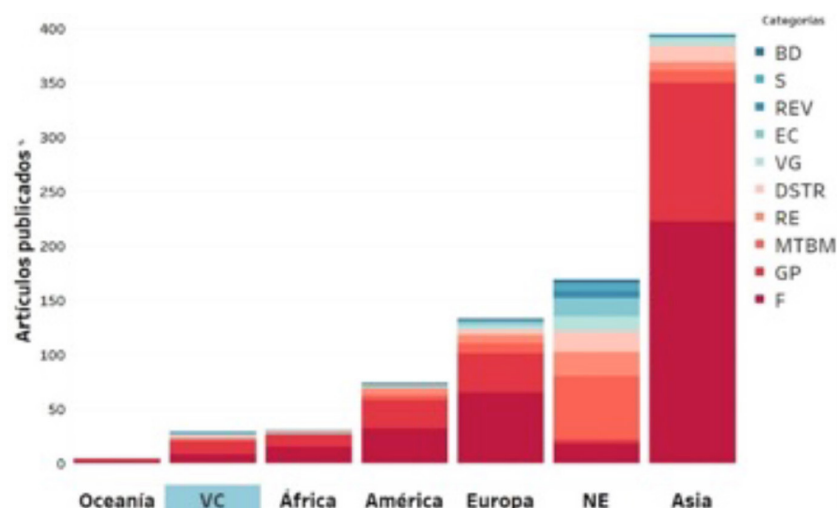
categorías de Software (S), Método y/o Técnica de Biología Molecular (MTBM), Revisión Sistemática (REV), Estudio de Caso (EC) y Variación Genética (VG). Los artículos realizados en poblaciones de África (A), América (AM), Europa (E), Oceanía (O) y aquellas que incluyeron poblaciones de varios continentes (VC) usaron los STRs en la categoría de Genética de poblaciones (GP). En Asia, el uso más frecuente para los STRs fue en la categoría de Frecuencias Alélicas (F) (Fig. w4).

En la década del 2010 se publicaron más artículos por año con STRs (399), seguida de la década del 2000, con 279 artículos. La década con menor número de artículos publicados fue la de 1990 con 25. En lo que va de la década del 2020 se publicaron 131 artículos (Fig. 5). La década del 1990 mostró la mayor frecuencia de uso de los STRs en las categorías Desarrollo de STR (DSTR) y Relación con enfermedad (RE); mientras que durante la década del 2000 se usaron con mayor frecuencia en Frecuencias Alélicas (FA) y Base de Datos (BD). En la década del 2010 fue más frecuente su uso en las categorías de Software (S), Variación Genética (VG) y Revisión Sistemática (REV). La década del 2020 presentó más frecuentemente el uso en Genética de poblaciones (GP) y Variación Genética (VG) (Fig. 6).

Los 47 artículos clasificados en la categoría de Relación con Enfermedad (RE) se realizaron en 17 países. De ellos, 22 artículos para asociar con una enfermedad no especifican la población donde realizó el estudio. El continente europeo y asiático contabilizaron 8 artículos cada uno, en América se realizaron 7 estudios y 1 artículo utilizó poblaciones de varios continentes para su estudio. El país con mayor cantidad de artículos relacionados a una enfermedad fue Irán con 4, seguido de México y China con 3 y 2 artículos respectivamente. Los países de Argentina, Brasil, Bulgaria, Dinamarca, E.U.A., España, India, Irlanda, Kenia, Rusia, Suecia, Taiwán y Venezuela presentaron 1 artículo. Los artículos realizados aplicaron los STRs en 29 enfermedades, padecimientos y/o trastornos de importancia médica. Las enfermedades mayormente mencionadas en los artículos fueron el Cáncer, Distrofia muscular y Aneuploidías autosómicas. Así mismo, los STRs se asociaron con enfermedades crónicas como la Diabetes, Asma y problemas cardíacos. Los artículos donde se aplicaron los STRs para asociarlos con una enfermedad tenían como objetivo el análisis de variación genética (AVG), la asociación de polimorfismos (AP), el diagnóstico (D) y la determinación de frecuencias alélicas (FA), siendo el diagnóstico el uso más común en los artículos (Tabla 1).

En México, entre los años 2006 y 2024 se registraron once artículos donde ser

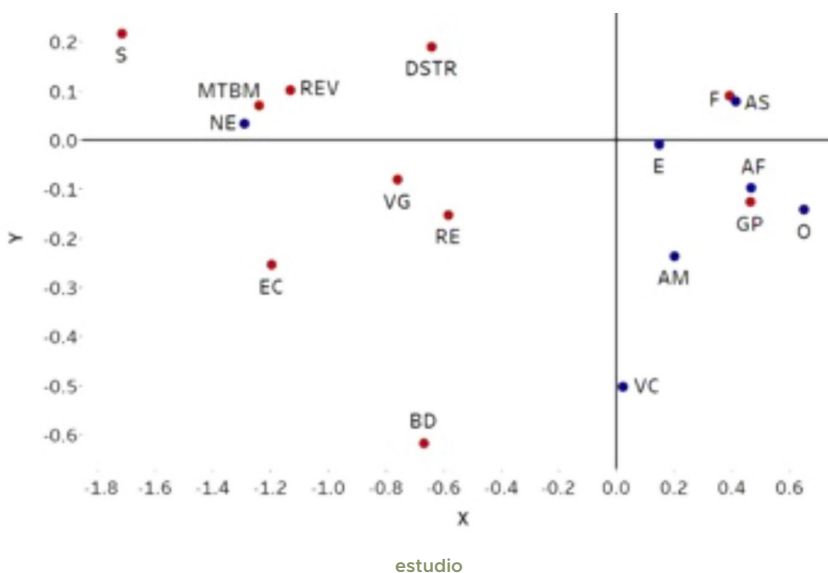
Figura 3
Aplicación de los STRs en los continentes de origen de la población analizada



Fuente: Elaboración propia.

Figura 4

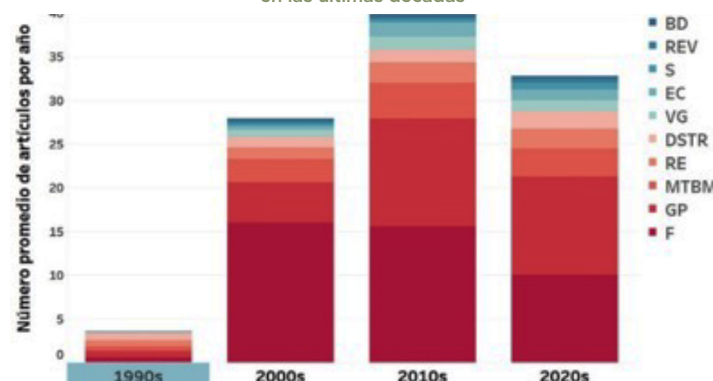
Dispersión de artículos de STRs con base en aplicación y en origen de la población de



Categorías de aplicación: Desarrollo de str (DSTR), Estudio de Caso (EC), Frecuencias Alélicas (F), Genética de poblaciones (GP), Método y/o Técnica de Biología Molecular (MTBM), Relación con enfermedad (RE), Revisión Sistemática (REV), Software (S) y Variación Genética (VG). Continentes: África (A), América (AM), Asia (AS), Europa (E), Oceanía (O) y sin información de procedencia (NE).
Fuente: Elaboración propia.

Figura 5

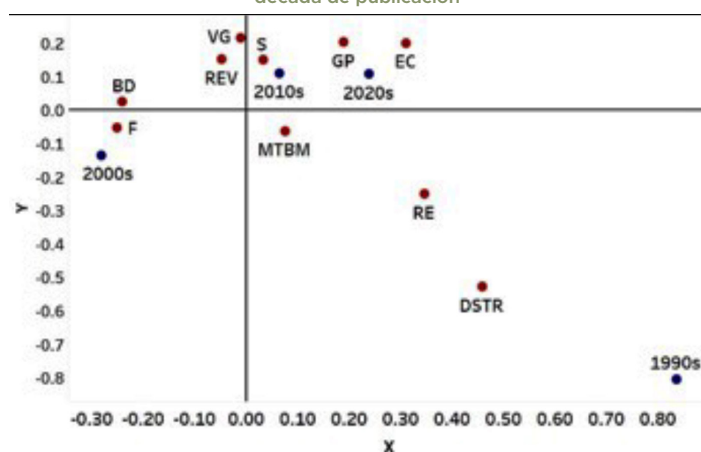
Número promedio por año de artículos publicados relacionado con los str en las últimas décadas



Fuente: Elaboración propia.

Figura 56

Dispersión de artículos de str con base en aplicación de acuerdo con la década de publicación



Fuente: Elaboración propia.

aplicaron STRs: cuatro analizaron la genética de poblaciones, tres analizaron frecuencias alélicas, otros tres los asociaron con enfermedades y en un artículo se aplicaron como método y/o técnica para un análisis en específico. Los estudios de frecuencias alélicas tienen el propósito de ayudar en la identificación forense; mientras que los trabajos sobre la genética de poblaciones buscan conocer la estructura de las poblaciones analizadas. Los estudios que utilizaron los STRs para asociarlos con enfermedades identificaron la susceptibilidad de las poblaciones mexicanas para padecer enfermedades como la Lepra Lepromatosa y la psoriasis en placas analizando la variación de un gen asociado. Un estudio utilizó los STRs en el diagnóstico para el asesoramiento genético sobre la distrofia muscular de Duchenne. En todos los casos, los autores utilizaron marcadores autosómicos y haplotipos del cromosoma X y Y (Tabla 2).

Discusión

Al finalizar el siglo XX, el nuevo milenio marca la propuesta de uso de la técnica molecular de los STR para la caracterización, tipi-

Tabla 1

Trabajos sobre las aplicaciones de los STRs en el estudio de poblaciones humanas en diversos países encontrados en la búsqueda realizada

Año	Objetivo del artículo	Enfermedad/Padecimiento/Trastorno	País
1993	D	Fenilcetonuria	VP
1994	D	Deficiencia de antitrombina	E.U.A.
1994	D	Fenilcetonuria	Irlanda
1996	D	Esclerosis	Dinamarca
1996	D	Deficiencia de mielina	VP
2000	AVG	Cáncer	NE
2002	AVG	Esclerosis	NE
2002	AVG	Tirosina hidroxilasa asociada a la longevidad humana	VP
2003	AVG	Hepatitis	NE
2004	D	Aneuploidías autosómicas	Bulgaria
2005	D	Asma	NE
2006	D	Carcinoma nasofaríngeo	China
2007	D	Aberraciones numéricas del cromosoma 18 y 21	NE
2007	AVG	Tumores de tejidos de sistema digestivo	NE
2008	D	Charcot-Marie-Tooth	Brasil
2009	D	Defectos cardíacos congénitos	NE
2010	AP	Asma	NE
2010	AVG	Diabetes	Taiwán
2011	AP	Enfermedad de Kashin-Beck	China
2012	AP	Menor pérdida auditiva en pacientes con enfermedad de Meniere	NE
2012	D	Distrofia muscular de Duchenne	NE
2012	AP	Deficiencia del factor XIII	Venezuela
2013	D	Atrofia muscular espinal	NE
2014	AVG	Cáncer de Ovario	NE
2015	AP	Longevidad	España
2015	FE	Discapacidad intelectual recesiva	Irán
2016	AVG	Distrofia muscular de Duchenne	México
2016	D	Cáncer de esófago	NE
2016	FE	Albinismo	Irán
2016	D	Distrofia muscular	Argentina
2016	AP	Lepra Lepromatosa	México
2016	FE	Aneuploidías autosómicas	Irán
2016	AVG	Neurodegenerativas	India
2017	AP	Parkinson	NE
2018	D	Quimerismo	NE
2018	D	Líneas celulares cancerígenas	NE
2019	FE	Desórdenes cardiovasculares	Irán
2019	D	Distrofia muscular de Duchenne	NE
2020	AVG	Alzheimer	NE
2021	D	Quimerismo	NE
2021	AP	Psoriasis en placas	México
2021	AVG	Tejidos Tumorales	NE
2022	AVG	Leucemia	NE
2022	AP	Malaria	Kenia
2023	D	Enfermedad de Huntington	Suecia
2024	D	Ataxia espinocerebelosa tipo 1	Rusia
2024	AVG	Resistencia a la tirotropina	NE

VP= Población de varios países, NE= No especifica la población de estudio.

Fuente: Elaboración propia.

ficación e identificación humana a nivel mundial. A raíz de ello se han generado varios estuches comerciales que facilitan la amplificación estable de los loci STR de interés. El proceso de selección de los marcadores STR autosómicos y del cromosoma Y principalmente, su ubicación física en el genoma humano y los rangos alélicos y variantes observadas en poblaciones humanas, así como las tasas de mutación reportadas en las pruebas de parentesco han sido un proceso bien documentado. Además, a pesar de que en un principio los STR se propusieron para la identificación genética de individuos, estudios posteriores vislumbraron aplicaciones adicionales como el monitoreo, dada su asociación o ligamiento con genes causantes de enfermedades, así como en la predicción con alto nivel de confianza del origen étnico de un individuo.²⁸

A partir de la década del 2010, se han generado infinidad de trabajos aplicando estrategias novedosas. Por ejemplo, el análisis de los polimorfismos de un solo nucleótido (SNPs), que luego se utilizaron en estudios de asociación de todo el genoma (GWAS) en genética humana; es una estrategia donde se reportan miles de SNPs asociados con miles de rasgos. Sin embargo, el análisis GWAS sobre rasgos complejos y trastornos poligénicos tiene el problema que no explica totalmente la heredabilidad de un rasgo.²⁹ Por el contrario, los STRs contribuyen a la identificar asociaciones de rasgos STRs con altos niveles de confianza estadística. Así, sobra decir que es interesante enfocarse en la utilidad de los STRs para definir su asociación con rasgos/enfermedades de interés. Por ello, es necesario desarrollar catálogos completos y precisos de STR en el genoma humano.³⁰

Una de las desventajas de los STRs es que la mayoría de los estudios poblacionales se han enfocado en cohortes con ascendencia europea o bien, se limitan por la profundidad de la secuenciación. Estudios de mapeo con STRs generados a partir de la secuenciación de genomas³¹ de muestras de los habitantes de la población, deberían emprenderse en países como México, característico en su diversidad étnica y que ofrece una oportunidad para la evaluación de la eficiencia de marcadores moleculares STRs en la identificación y caracterización de poblaciones humanas.³² Otra vertiente para el aprovechamiento de los STRs en México es en el estudio de las enfermedades hereditarias o con bases genéticas que aquejan a los mexicanos. Por ejemplo, entre las enfermedades crónico-degenerativas que en los últimos 20 años se han vuelto preponderantes están la diabetes mellitus tipo II, los problemas cardíacos y la hipertensión, el cáncer, la obesidad y el sobrepeso y problemas mentales (ansiedad, depresión).³³⁻³⁵ Los STRs ayudaron en el estudio genético de dos enfermedades en México, Lepra Lepromatosa y la psoriasis en placas, a pesar de que a nivel mundial las enfermedades en las que se han reportado marcadores STRs asociados es alto.

Por ello se vislumbran, en el corto plazo, esas dos vertientes de interés en el uso y aplicación de los marcadores moleculares STRs en poblaciones mexicanas: la evaluación de la asociación de marcadores con enfermedades de interés en salud que, posteriormente permita establecer políticas y estrategias de prevención en salud pública para mejorar la calidad de vida de los habitantes en general y la aplicación de los marcadores moleculares para genotipificar, identificar y definir estructuras y las relaciones genéticas entre individuos pertenecientes a

Tabla 2
Trabajos sobre las aplicaciones de los STRs en el estudio de poblaciones humanas mexicanas encontrados en la búsqueda realizada

Año	Categoría	Objetivo	Propósito	Enfermedad	Marcadores
2006	Frecuencias Alélicas	Evaluar Potencial Forense	Identificación Forense	*	Cromosoma X
2010	Genética de poblaciones	Estructura de la población	Riesgos de Enfermedades	*	Cromosoma Y
2016	Relación con enfermedad	Desarrollo de mini STRs	Detección	Distrofia muscular de Duchenne	Cromosoma X
2016	Método y/o Técnica de Biología Molecular	Evaluar Potencial Forense	Pruebas de Paternidad	*	Autosómicos
2016	Relación con enfermedad	Asociar polimorfismos	Susceptibilidad de la enfermedad en la población	Lepra Lepromatosa	Autosómicos
2016	Genética de poblaciones	Análisis antropológico	Explorar la demografía prehispánica	*	Autosómicos
2017	Genética de poblaciones	Estructura de la población	Comparación entre poblaciones	*	Cromosoma Y
2018	Frecuencias Alélicas	Parámetros Forenses	Identificación Forense	*	Cromosoma X
2021	Genética de poblaciones	Evaluar Haplogrupos	Linajes	*	Cromosoma Y
2021	Relación con enfermedad	Asociar polimorfismos	Susceptibilidad de la enfermedad en la población	Psoriasis en placas	Autosómicos
2024	Frecuencias Alélicas	Evaluar Potencial Forense	Identificación Forense	*	Autosómicos

*= No aplica para la categoría
Fuente: Elaboración propia.

grupos étnicos, poblaciones o grupos poblacionales de interés, con fines antropológicos, forenses, etc.

Conclusiones

En el corto plazo los marcadores moleculares STR tienen dos aplicaciones importantes en el estudio de poblaciones mexicanas: la identificación de asociaciones con enfermedades de interés en salud pública y la genotipificación, identificar y definición de rasgos genéticos de los individuos pertenecientes a grupos étnicos, poblaciones o grupos poblacionales de interés, con fines antropológicos, forenses, etc.

Conflicto de intereses

No hay conflicto de intereses.

Financiamiento

No hubo financiamiento.

Agradecimientos

A la SECIHTI por la beca de manutención (CVU:559403) otorgada dentro del programa de Doctorado en Ciencias en Biología (CVE: 003351). Así mismo, al Tecnológico Nacional de México, Campus Cd. Victoria, por la infraestructura proporcionada para el desarrollo de este trabajo.

Referencias

1. Rosenberg NA, Pritchard JK, Weber JL, Cann HM, Kidd KK, Zhivotovsky LA, et al. Genetic structure of human populations. *Science* (New York, NY). 2002; 298 (5602): 2381-5.
2. Kayser M, Branicki W, Parson W, Phillips C. Recent advances in Forensic DNA Phenotyping of appearance, ancestry and age. *Forensic Science International: Genetics*. 2023; 65.
3. González-Herrera L, Sosa-Escalante JE, López-González P, López-González MJ, Gamboa-Magaña RY, Herrera-Díaz RG, et al. Ancestral proportions based on 22 autosomal STRs of an admixed population (Mestizos) from the Península of Yucatán, México. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series*. 2019; 7 (1): 429-31.
4. López-Ramírez YL, Aguilar-Velázquez JA, López-Armenta M, Ruiz-Hernández M, Rangel-Villalobos H. Paternal lineages and forensic parameters based on 23 Y-STRs (Powerplex® Y23) in Mestizo males from Mexico City. *International journal of legal medicine*. 2020; 134 (1): 199-202.
5. Keerti A, Ninave S. DNA Fingerprinting: Use of Autosomal Short Tandem Repeats in Forensic DNA Typing. *Cureus*. 2022; 14 (10): e30210.
6. Yang J, Chen J, Ji Q, Li K, Deng C, Kong X, et al. Could routine forensic STR genotyping data leak personal phenotypic information? *Forensic Science International*. 2022; 335: 1-7.
7. Liao X, Zhu W, Zhou J, Li H, Xu X, Zhang B, et al. Repetitive DNA sequence detection and its role in the human genome. *Communications biology*. 2023; 6 (1): 954.

8. Kornberg A, Bertsch LL, Jackson JF, Khorana HG. Enzymatic synthesis of deoxyribonucleic acid, xvi. Oligonucleotides as templates and the mechanism of their replication. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 1964; 51 (2): 315-23.
9. Ho EKH, Macrae F, Latta LC, Benner MJ, Sun C, Ebert D, et al. Intraspecific Variation in Microsatellite Mutation Profiles in *Daphnia magna*. *Mol Biol Evol*. 2019; 36 (9): 1942-54.
10. Butler JM, Willis S. Interpol review of forensic biology and forensic DNA typing 2016-2019. *Forensic Science International: Synergy*. 2020; 2: 352-67.
11. Bukyya JL, Tejasvi MLA, Avinash A, P CH, Talwade P, Afroz MM, et al. DNA Profiling in Forensic Science: A Review. *Global medical genetics*. 2021; 8 (4): 135-43.
12. Fan H, Chu JY. A brief review of short tandem repeat mutation. *Genomics, proteomics & bioinformatics*. 2007; 5 (1): 7-14.
13. Nayyer S, Jaiswal AK. DNAprofiling in forensic investigation– A review. *IP International Journal of Forensic Medicine and Toxicological Sciences*. 2023; 8 (1): 14-22.
14. M'charek A, Toom V, Jong L. The Trouble with Race in Forensic Identification. *Science, Technology, & Human Values*. 2020; 45 (5): 804-28.
15. Vigeland MD, Egeland T. Joint DNA-based disaster victim identification. *Scientific Reports*. 2021; 11 (1): 1-13.
16. Srikummool M, Srithawong S, Muisuk K, Sangkhano S, Suwannapoom C, Kampuansai J, et al. Forensic and genetic characterizations of diverse southern Thai populations based on 15 autosomal STRs. *Scientific Reports*. 2022; 12 (1): 1-11.
17. Devesse L, Davenport L, Syndercombe Court D, Ballard D. Biogeographical Ancestry Estimation from Autosomal Short Tandem Repeats in the Sequencing Era. 2023; 3 (4): 123-37.
18. Rodríguez-Rodríguez JE, Ioannidis AG, Medina-Muñoz SG, Barbarena-Jonas C, Blanco-Portillo J, Quinto-Cortés CD, et al. The genetic legacy of the Manila galleon trade in Mexico. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*. 2022; 377 (20200419): 1-10.
19. Verbiest MA, Lundström O, Xia F, Baudis M, Bilgin Sonay T, Anisimova M. Short tandem repeat mutations regulate gene expression in colorectal cancer. *Scientific Reports*. 2024; 14 (1): 3331.
20. Wyner N, Barash M, McNevin D. Forensic Autosomal Short Tandem Repeats and Their Potential Association With Phenotype. *Frontiers in Genetics*. 2020; 11: 1-7.
21. Bañuelos MM, Zavaleta YJA, Roldan A, Reyes R-J, Guardado M, Chavez Rojas B, et al. Associations between forensic loci and expression levels of neighboring genes may compromise medical privacy. 2022; 119 (40): e2121024119.
22. Guevara EK, Palo JU, King JL, Buś MM, Guillén S, Budowle B, et al. Autosomal STR and SNP characterization of populations from the Northeastern Peruvian Andes with the ForenSeq™ DNA Signature Prep Kit. *Forensic Science International: Genetics*. 2021; 52: 102487.
23. Melo G, Uscanga K, López-Armenta M, Avilés-Villada D, Hernández-Romano P, Rangel-Villalobos H, et al. Use of Investigator 24plex GO! To analyse allele frequencies of 21 autosomal STRs in the population of Veracruz state, Mexico. *Annals of Human Biology*. 2022; 49 (2): 164-9.
24. Salinas-Pineda L, Berumen J, Lopez Armenta M, Leon Campos C, Rangel-Villalobos H, Juarez-Torres E, et al. Forensic parameters and population structure based on 21 autosomal STRs with the investigator

- 24plex QS in mestizos from the Mexico City population. *Legal Medicine*. 2024; 66: 102344.
25. García-Aceves ME, Romero Rentería O, Díaz-Navarro XX, Rangel-Villalobos H. Paternity tests in Mexico: Results obtained in 3005 cases. *Journal of forensic and legal medicine*. 2018; 55: 1-7.
26. Villa-Islas V, Izarraras-Gomez A, Larena M, Campos EMP, Sandoval-Velasco M, Rodríguez-Rodríguez JE, et al. Demographic history and genetic structure in pre-Hispanic Central Mexico. 2023; 380 (6645): eadd6142.
27. Hammer O, Harper D, Ryan P. PAST: Paleontological Statistics Software Package for Education and Data Analysis. *Palaeontologia Electronica*. 2001; 4: 1-9.
28. Butler JM. The future of forensic DNA analysis. *Philosophical transactions of the Royal Society of London Series B, Biological sciences*. 2015; 370 (1674): 1-10.
29. Sohail M, Palma-Martínez MJ, Chong AY, Quinto-Cortés CD, Barbarena-Jonas C, Medina-Muñoz SG, et al. Mexican Biobank advances population and medical genomics of diverse ancestries. *Nature*. 2023; 622 (7984): 775-83.
30. Buniello A, MacArthur JAL, Cerezo M, Harris LW, Hayhurst J, Malangone C, et al. The NHGRI-EBI GWAS Catalog of published genome-wide association studies, targeted arrays and summary statistics 2019. *Nucleic Acids Res*. 2019; 47 (D1): D1005-d12.
31. Shi Y, Niu Y, Zhang P, Luo H, Liu S, Zhang S, et al. Characterization of genome-wide STR variation in 6487 human genomes. *Nature Communications*. 2023;14(1):2092.
32. Xie N. Building a catalogue of short tandem repeats in diverse populations. *Nature Reviews Genetics*. 2024; 25 (7): 457-.
33. Kuri-Morales P, Emberson J, Alegre-Díaz J, Tapia-Conyer R, Collins R, Peto R, et al. The prevalence of chronic diseases and major disease risk factors at different ages among 150,000 men and women living in Mexico City: cross-sectional analyses of a prospective study. *BMC Public Health*. 2009; 9: 9.
34. González-León M, Fernández-Gárate JE, Rascón-Pacheco RA, Valladares-Aranda MÁ, Dávila-Torres J, Borja-Aburto VH. The burden of disease of cancer in the Mexican Social Security Institute. *Salud Pública de México*. 2016; 58 (2): 132-41.
35. Flores-Payan L, Hernández-Corona DM, González-Heredia T. Multidimensional analysis of health in Mexico: implementation of fuzzy sets. *BMC Public Health*. 2021; 21 (1): 944.