

UNIVERSIDAD DE EL SALVADOR
FACULTAD MULTIDISCIPLINARIA ORIENTAL
DEPARTAMENTO DE MEDICINA
SECCIÓN DE LABORATORIO CLINICO



**INFORME FINAL DEL CURSO DE PREESPECIALIZACION: EN GENETICA
FORENSE**

TITULO DEL INFORME FINAL:

**IDENTIFICACIÓN DE SOSPECHOSOS A TRAVÉS DE BÚSQUEDAS
FAMILIARES EN LA BASE DE DATOS DE ADN DE INTERÉS CRIMINAL.
IMPLICACIONES SOCIALES, ÉTICAS Y CIENTÍFICAS.**

DOCENTE:

LICDA. XIOMARA PASTORE DE RODAS

ESTUDIANTES:

KATHERINE VALERIA AMAYA GARAY N° CARNET AG19064

KEYLEEN ANDREA CRUZ PORTILLO N° CARNET CP18016

KATHERINE GABRIELA ZALDIVAR PACHECO N° CARNET ZP19006

CIUDAD UNIVERSITARIA ORIENTAL, 21 DE OCTUBRE DEL 2024.

UNIVERSIDAD DE EL SALVADOR

AUTORIDADES



MSC. JUAN ROSA QUINTANILLA

RECTOR

DRA. EVELYN BEATRIZ FARFÁN

VICERRECTORA ACADÉMICA

MSC. ROGER ARMANDO ARIAS ALVARADO

VICERRECTOR ADMINISTRATIVO

LIC. PEDRO ROSALÍO ESCOBAR CASTANEDA

SECRETARIO GENERAL

LIC. CARLOS AMILCAR SERRANO RIVERA

FISCAL GENERAL

UNIVERSIDAD DE EL SALVADOR
FACULTAD MULTIDISCIPLINARIA ORIENTAL

AUTORIDADES



MSC. CARLOS IVAN HERNANDEZ FRANCO

DECANO

DRA. NORMA AZUCENA FLORES RETANA

VICEDECANA

LIC. CARLOS DE JESUS SANCHEZ

SECRETARIO

DR. AMADEO ARTURO CABRERA

JEFE DEL DEPARTAMENTO DE MEDICINA

MSC. MARTA LILIAN RIVERA

**COORDINADORA DEL PROCESO DE GRADO DE LA CARRERA DE
LABORATORIO CLINICO**

INDICE

INTRODUCCION	VI
1 RESUMEN	7
2 OBJETIVO GENERAL	9
2.1 OBJETIVOS ESPECIFICOS	9
4 MARCO TEORICO	10
4.1 Búsqueda familiar directa.	10
4.1.1 Búsqueda familiar indirecta.	10
4.1.2 Herencia genética y estrategias de búsqueda en la base de datos de perfiles genéticos de ADN	10
4.2 Legislación internacional.	13
4.2.1 Países Bajos.	13
4.2.2 Gran Bretaña.	13
4.2.3 Estados Unidos.	14
4.2.4 Canadá.	15
4.2.5 Australia y Nueva Zelanda.	15
4.3 Búsquedas exitosas.	15
4.3.1 Inglaterra.	16
4.3.2 Estados Unidos.	16
4.3.3 Países Bajos.	16
4.3.4 Francia.	17
4.3.5 Nueva Zelanda.	17
4.4 Situación en España.	18
4.5 Las bases de datos de ADN con fines de investigación criminal.	19
4.5.1 El estándar de base de datos en Estados Unidos: El sistema CODIS	19
4.6 La búsqueda familiar de ADN en la investigación criminal.	20
4.7 Las bases de datos de ADN para la identificación de personas desaparecidas.	23
4.8 Bases de datos de ADN y sucesos con víctimas múltiples.	23
5 RESULTADOS	27
6 CONCLUSIONES	30
7 BIBLIOGRAFÍA.	32

8 ANEXOS	35
Glosario	35
Principio de intercambio de Locard	40
Figura 1: Esquema del proceso de búsqueda familiar	42
Poster	43

INTRODUCCION

La investigación de polimorfismos genéticos de ácido desoxirribonucleico (ADN) ha revolucionado las Ciencias Forenses y, en particular, la Criminalística. De acuerdo al artículo que hemos estudiado y basado nuestra información el cual tiene como título identificación de sospechosos a través de búsquedas familiares en la base de datos de ADN de interés criminal. implicaciones sociales, éticas y científicas; La posibilidad de incorporar a bases de datos de ADN de interés policial los perfiles genéticos obtenidos a partir de muestras halladas en la escena del delito o el cuerpo de la víctima, así como de personas que pudieran estar relacionadas con los hechos, hace de las bases de datos de ADN una herramienta muy poderosa en la investigación criminal. Diversos países han implementado mecanismos de búsqueda en sus bases de datos de ADN de interés policial con el fin de aumentar la eficiencia de las mismas. Algunas de estas estrategias están basadas en la semejanza genética que existe entre familiares. Esta metodología es la que se usa para la búsqueda de personas desaparecidas en bases de datos de interés social y lo que se pretende es utilizar la misma herramienta para establecer la relación de parentesco entre el donante del indicio biológico encontrado en el lugar de los hechos y un eventual familiar que pudiera estar registrado en la base de datos de interés policial y no social. Por tanto, en ausencia de coincidencia alguna en la base de datos de ADN entre el perfil genético procedente de un indicio biológico de interés en la investigación y el resto de los perfiles ingresados en la base de datos, ¿por qué no utilizar la semejanza genética entre familiares como una estrategia de búsqueda más en las bases de datos de interés criminal? A este tipo de estrategia se la conoce con el nombre de búsqueda familiar o familial searching. El empleo de la búsqueda familiar con fines de investigación criminal cuenta con pros y contras desde el punto de vista legal, con impulsores y detractores en el ámbito jurídico y científico y con distintas opciones y criterios que algunos países recogen en forma de legislación. Se tratará de revisar estos aspectos, fundamentalmente los relacionados con las búsquedas familiares indirectas, y aportar una visión general de la situación actual.

1 RESUMEN

El uso de la tecnología del ADN ha revolucionado la ciencia forense en los últimos años, convirtiéndose en una herramienta de incalculable valor en los procesos de investigación e identificación forense. Además, la creación de bases de datos de perfiles genéticos de ADN ha permitido relacionar de manera eficiente personas y escenas del delito. **OBJETIVO:** Conocer las estrategias de identificación de sospechosos y perfiles genéticos en diferentes países. **METODOLOGIA:** La búsqueda familiar es una estrategia importante que permite establecer relaciones familiares entre el perfil genético hallado en la escena del delito, y objeto de la investigación, y eventuales familiares que pudieran encontrarse en dicha base de datos. Esta identificación de potenciales familiares puede permitir la identificación de la persona desconocida y la resolución del hecho delictivo. Esta estrategia de investigación cuenta con impulsores y detractores en relación con su utilización en el ámbito legal, social, ético y científico. Nuestra investigación revisa todos estos aspectos y aporta una visión general de la situación actual.

Palabras claves: perfiles genéticos; identificación de sospechosos; base de datos.

ABSTRACT

The use of DNA technology has revolutionized forensic science in recent years, becoming an invaluable tool in forensic investigation and identification processes. In addition, the creation of DNA genetic profile databases has made it possible to efficiently link people and crime scenes. **OBJECTIVE:** To understand the strategies for identifying suspects and genetic profiles in different countries. **METHODOLOGY:** Family search is an important strategy that allows establishing family relationships between the genetic profile found at the crime scene and the subject of the investigation and potential relatives who may be in the database. This identification of potential relatives can allow the identification of the unknown person and the resolution of the crime. This research strategy has its proponents and detractors in relation to its use in the legal, social, ethical and scientific fields. Our research reviews all these aspects and provides an overview of the current situation.

Keywords: genetic profiles; identification of suspects; database.

2 OBJETIVO GENERAL

Identificar sospechosos a través de la búsqueda del ADN en familiares.

2.1 OBJETIVOS ESPECIFICOS

Conocer las estrategias de identificación de sospechosos y perfiles genéticos en diferentes países.

Describir los argumentos a favor o en contra del uso de la búsqueda familiar para la identificación de ADN.

4 MARCO TEORICO

La Comisión Nacional para el Uso Forense del ADN, en su memoria anual correspondiente al año 2012, distingue 2 diferentes tipos de búsquedas familiares:

4.1 Búsqueda familiar directa.

Búsqueda del donante del indicio criminal anónimo registrado en la base de datos de ADN mediante comparación del perfil de ADN de dicho indicio con el índice de perfiles de ADN de imputados utilizando un algoritmo de búsqueda familiar, o mediante marcadores que no permiten distinguir genéticamente determinados miembros de un mismo grupo familiar.

4.1.1 Búsqueda familiar indirecta.

Búsqueda de individuos relacionados genéticamente con el donante del indicio criminal anónimo.

4.1.2 Herencia genética y estrategias de búsqueda en la base de datos de perfiles genéticos de ADN.

El patrimonio genético del individuo se encuentra mayoritariamente ubicado en el núcleo de la célula (99%), donde se halla condensado y empaquetado, constituyendo los cromosomas. La especie humana contiene 23 parejas de cromosomas, 22 parejas de cromosomas autosómicos y una pareja de cromosomas sexuales, proviniendo cada uno de los componentes de las parejas de un progenitor. El sexo del individuo viene definido por los cromosomas sexuales X e Y, de manera que en las mujeres dicha pareja será XX y en los varones será XY. Cada individuo varón trasmite a sus hijos varones su cromosoma Y de una manera prácticamente invariable, y de esta manera todos los miembros varones del mismo linaje paterno compartirán idéntico cromosoma Y. Por otra parte, el 1% restante de material genético se encuentra ubicado en unos orgánulos citoplasmáticos llamados mitocondrias y que dan nombre al ADN que contienen: ADN mitocondrial (ADNmt). Este tipo de ADN se trasmite íntegra y exclusivamente de madre a hijos, por lo que de manera similar a la herencia del cromosoma Y, las personas emparentadas por línea materna compartirán el mismo ADNmt. La mayor parte de las bases de datos

de ADN mundiales no incluyen de manera rutinaria en sus búsquedas las comparaciones con marcadores de cromosoma Y y/o ADNmt, que a priori deberían permitir buenas aproximaciones para establecer vínculos de parentesco paterno y/o materno.

En la base de datos de perfiles de ADN ingresan de forma paralela los perfiles genéticos obtenidos a partir de indicios biológicos encontrados en el cuerpo de la víctima o en el lugar de los hechos y aquellos procedentes de sospechosos, condenados o imputados por aquellos delitos en que la legislación, según el país de que se trate, permita su inclusión en la base de datos. El algoritmo de búsqueda de la base de datos, en función de diferentes estrategias y criterios, establece semejanzas genéticas entre los perfiles.

Los marcadores genéticos short tandem repeat ubicados en el ADN autosómico constituyen la herramienta preferencial de búsqueda en las bases de datos de ADN a nivel mundial. Estos marcadores responden a patrones de herencia mendeliana: cada uno de los alelos del marcador es transmitido por un progenitor. Con base en ello, y dado un perfil genético de interés, podemos establecer una clasificación de los perfiles genéticos existentes en la base de datos en función de un mayor o menor número de alelos que compartan y, por tanto, establecer un ranking de semejanza. Habitualmente, el método utilizado (ver figura 1) consiste en buscar coincidencias en un número elevado de alelos, pero obviamente aparecerá un gran número de coincidencias en los alelos más frecuentes en la población, por lo que podemos encaminar la búsqueda hacia los alelos poco frecuentes, los que normalmente, dada su rareza, ofrecen poco éxito investigativo. Otras estrategias de búsqueda van encaminadas a emplear algoritmos matemáticos que calculan relaciones de parentesco (likelihood ratio [LR]) (cuántas veces es más o menos probable una relación de parentesco entre 2 perfiles genéticos que una relación de no parentesco). Esta estrategia parece la más acertada, ya que combina la búsqueda de alelos raros y del número de alelos compartidos.

Así, por ejemplo, utilizando la base de datos de ADN de Nueva Zelanda a partir de simulaciones padre-hijo y la de Suiza a partir de simulaciones hermano-hermano se ha puesto de manifiesto que es preferible, como estrategia de búsqueda, la

clasificación por índices de parentesco (kinship indices) que la búsqueda por número de alelos compartidos.

Como resultado de estas búsquedas se establece un listado de posibles parentescos entre el donante de la muestra investigada y las muestras indubitadas incluidas en la base de datos. Posteriormente, la policía deberá realizar diversas investigaciones con este listado de potenciales personas de interés obtenido con el fin de esclarecer el hecho delictivo. El Scientific Working Group on DNA Analysis Methods, en sus recomendaciones de 2014 sobre las búsquedas familiares⁶, estableció como método de comparación preferible el índice de parentesco más que el del número de alelos compartidos.

Figura 1.

Ejemplo ficticio sobre diferentes estrategias de búsqueda familiar en la base de datos de perfiles genéticos de ADN. LR: likelihood ratio

Marcador genético	Perfil genético escena delito	
D3S1358	15,16	Ejemplo simplificado de un perfil genético para ilustrar los criterios de búsqueda en la tabla inferior. El alelo 17 del marcador D8S1179 presenta frecuencia < 1% en la población
VWA	17,18	
D16S539	9,13	
CSF1PO	10,11	
TPOX	8,11	
D8S1179	15,17	

	Estrategia de búsqueda	Búsqueda en la base de datos de aquellos perfiles indubitados* que:
A	N.º de alelos concordantes	Al menos coincidan en 7 de los 12 alelos que contiene el perfil dubitado**
B	Alelos con frecuencias bajas	Tengan el alelo 17 del marcador D8S1179
C	Establecer un valor umbral de LR	Tengan LR > 100 para relación de parentesco dada (padre-hijo / hermano-hermano)
D	Establecer ranking de valores LR	Tengan mayor LR (100 perfiles) dada una determinada relación de parentesco

A. Establecer un número de alelos coincidentes entre el perfil dubitado y los perfiles indubitados.

- B. Determinar el/los alelo/s con menor frecuencia en el perfil procedente del lugar de los hechos, y en base a ello, buscar en la base de datos los perfiles que presenten dicho alelo.
- C. Establecer la búsqueda de un determinado tipo de parentesco entre el perfil dubitado y los indubitados incluidos en la base de datos, y en base a ello, investigar los que ofrezcan valores de LR superiores a 100 (por ejemplo).
- D. Establecer la búsqueda de un determinado tipo de parentesco entre el perfil dubitado y los indubitados incluidos en la base de datos, y en base a ello, investigar las 100 (por ejemplo) relaciones con mayor valor de LR.

4.2 Legislación internacional.

En este apartado intentaremos dar una visión de la situación de las búsquedas familiares en diferentes países, principalmente anglosajones, que son los que tienen incluida en sus diferentes legislaciones la posibilidad (y en qué condiciones) de efectuar dichas búsquedas familiares en sus bases de datos de ADN de interés criminal. En Europa, esta herramienta de investigación se usa principalmente en Gran Bretaña y Países Bajos. En otros países cercanos geográficamente a España o bien no se utiliza por el escaso desarrollo de sus bases de datos de ADN (caso de Portugal o Italia), o bien carecen de legislación específica en este aspecto, por lo que su uso es muy esporádico (caso de Francia).

4.2.1 Países Bajos.

La legislación holandesa (2012) solo permite su uso para la investigación de delitos que conlleven penas de 8 años de prisión (o superior) y como último recurso investigativo, es decir, cuando ya no haya pistas ni sospechosos que investigar (Sección 151da). No obliga a un número mínimo de marcadores genéticos o de alelos coincidentes. Se basa en el establecimiento de un umbral mínimo de relación de parentesco.

4.2.2 Gran Bretaña.

No existe una legislación específica que ordene o permita a la Policía o a la comunidad forense el uso de esta técnica de búsqueda de familiares en las bases de datos nacionales. Antes de su utilización por el grupo de investigación encargado

debe realizarse una solicitud a los responsables de la base de datos de ADN. Dicha solicitud debe ser aprobada. Se establece entonces una coincidencia de un mínimo de 11 de 20 de los alelos analizados y una posterior clasificación de sospechosos a partir de sus índices de parentesco y otra información (edad, cromosoma Y, lugar de residencia, etc.). Desde su implementación en 2002 se han realizado más de 200 investigaciones que han servido para resolver unos 40 casos criminales (datos de 2012).

4.2.3 Estados Unidos.

No hay legislación a nivel nacional, pero sí a nivel federal. El FBI distingue entre «coincidencia parcial», que sería una identificación espontánea de un sospechoso producto de una búsqueda en la base de datos porque hay coincidencia en un gran número de alelos entre el perfil genético del sospechoso y el localizado en la base de datos, y «búsqueda familiar», que sería una identificación intencionada en la base de datos con el fin de identificar potenciales candidatos que fueran familiares cercanos del perfil genético desconocido asociado a la escena del delito. De acuerdo con esta distinción, la mayoría de los estados realizan coincidencias parciales, mientras que solamente unos pocos tienen normativa específica para el caso de búsqueda familiar.

En California, su uso está autorizado únicamente en caso de crímenes violentos donde haya un riesgo elevado para la seguridad pública y cuando ya no se pueda obtener más información del resto de las pistas del caso a investigar. Es necesaria una coincidencia de, al menos, 15 alelos, y una investigación de los 168 perfiles genéticos que hayan dado los valores más altos de índice de parentesco (padre-hijo y hermano-hermano). La posterior confirmación se realiza mediante marcadores de cromosoma Y. Se consideran 3 grupos étnicos: americanos de origen africano, caucasoides e hispanos del suroeste. La primera utilización de esta herramienta investigativa fue en octubre de 2008 y hasta la fecha se han realizado 10 investigaciones, que han permitido resolver un caso criminal.

En Colorado, su uso está autorizado en todos aquellos casos donde no se consiga una coincidencia directa con la base de datos de ADN, mientras que en Virginia su uso está autorizado por ley desde marzo de 2011 en crímenes violentos sin resolver,

solo como última herramienta investigativa y siempre y cuando existan serias preocupaciones para la seguridad pública.

Por el contrario, su uso está prohibido por ley en Maryland y en Washington, D. C. En este último lugar se indica expresamente en la ley que «no se podrán realizar en la base de datos sobre ADN de ámbito estatal con fines de identificación de un delincuente en relación con un delito en el que el delincuente sea un pariente biológico de la persona de la cual se ha tomado la muestra de ADN». Otros estados donde, aunque no haya una ley específica sobre ello, no se realizan ni coincidencias parciales ni búsquedas familiares son Alaska, Nevada, Utah, Nuevo México, Michigan, Vermont, Massachusetts y Georgia, Minnesota, Pensilvania y Tennessee están estudiando este tema para incluirlo o no en sus respectivas legislaciones.

4.2.4 Canadá.

La legislación canadiense no permite este tipo de investigaciones.

4.2.5 Australia y Nueva Zelanda.

En Australia no hay legislación específica que permita o prohíba este tipo de estrategia de búsqueda. Sin embargo, existe una percepción de que la búsqueda familiar es algo más que aquello para lo que en origen fueron concebidas las bases de datos de ADN.

En Nueva Zelanda, esta búsqueda ha sido utilizada como la última herramienta para la resolución del caso criminal en al menos 38 ocasiones (datos de 2010), siendo la primera de ellas en 2004.

4.3 Búsquedas exitosas.

A lo largo de este apartado presentaremos una serie de casos donde la búsqueda familiar en las bases de datos de ADN de interés criminal ha posibilitado la resolución de los hechos investigados y ha conducido a la detención y el enjuiciamiento de los presuntos culpables. Se han recogido varios casos, a modo de ejemplo de la potencialidad de la herramienta investigadora, que tuvieron una importante repercusión mediática y principalmente de aquellos países donde existe una legislación específica sobre esta cuestión.

4.3.1 Inglaterra.

Un individuo arrojó un ladrillo desde un puente sobre una autopista, que atravesó el parabrisas de un vehículo e impactó en el pecho del conductor, el cual falleció tras sufrir un ataque al corazón. Previamente a este incidente, la persona que había arrojado el ladrillo intentó robar un vehículo, donde dejó unos restos sanguíneos que tras ser analizados mostraron una coincidencia con el ADN localizado en el ladrillo, pero este perfil genético no se encontraba en la base de datos, aunque sí mostraba una gran similitud con un familiar suyo que sí estaba presente en la base de datos, hecho que puso tras su pista. Tras ser detenido y analizado su ADN, se obtuvo una coincidencia completa entre su perfil genético y el localizado tanto en el vehículo robado como en el ladrillo. El sospechoso reconoció su participación en los hechos y fue condenado a 6 años de prisión. Este caso fue la primera búsqueda exitosa de familiares en la base de datos de ADN en Inglaterra.

4.3.2 Estados Unidos.

Un asesino en serie, apodado «Grim Sleeper», era considerado el responsable de la muerte de, al menos, 10 mujeres jóvenes en el sur de Los Ángeles desde mediados de los años 80. Una búsqueda de su perfil genético en la base de datos dio resultado negativo en 2008, pero una nueva búsqueda en abril de 2010 mostró una coincidencia parcial con el perfil genético de una persona detenida por un delito con armas. Este hecho hizo sospechar a la policía que esta persona pudiera tratarse del padre del asesino en serie. Tras localizar a su hijo, y a partir de un fragmento de pizza abandonado por él, se pudo comprobar una coincidencia completa con el perfil genético localizado en las diferentes escenas del delito, consiguiéndose de esta manera la detención del asesino.

4.3.3 Países Bajos.

A partir de una serie de agresiones sexuales cometidas por un mismo individuo en Utrecht durante 2013 y 2014 se obtuvo un perfil genético, pero este perfil no se encontraba en la base de datos de ADN criminal del país. Dada la repercusión social, se autorizó una búsqueda de familiares en la base de datos, obteniéndose un total de 26 personas a investigar de acuerdo con sus índices de parentesco, llamando la atención un perfil con un índice de parentesco (hermano-hermano) de

unos 5 millones (coincidencia de 25 de 40 alelos autosómicos y con una única diferencia en marcadores de ADNmt y de cromosoma Y). Este individuo fue investigado y a partir de él se localizó a un hermano suyo con antecedentes policiales previos de agresión sexual a una mujer. Este hecho permitió su detención y la toma y análisis de su ADN, obteniéndose una coincidencia total entre su perfil genético y el encontrado en las agresiones sexuales de Utrecht. El individuo fue condenado a 6 años de prisión.

4.3.4 Francia.

En el año 2002 se produjo un caso de violación y asesinato en el norte de París. El perfil genético obtenido en las muestras de semen no se encontraba en la base de datos francesa ni tampoco en otras bases de datos europeas. El caso permaneció sin resolver hasta que en 2011 se autorizó una búsqueda de familiares en la base de datos francesa (la legislación francesa autoriza la búsqueda de familiares en casos de identificación de restos cadavéricos, pero no hace referencia a investigaciones criminales). En ese momento la base de datos tenía 1.800.000 perfiles genéticos (un 3% de la población francesa) y dio una compatibilidad alélica (coincidencia de al menos un alelo por marcador) para 18 marcadores autosómicos y una coincidencia total en marcadores de cromosoma Y. Se produjo una investigación en la familia de este individuo, que era originaria y vivía cerca del lugar del delito. El padre y uno de los hermanos fueron descartados por cuestiones de edad, y el único posible candidato familiar había fallecido poco después del delito. Se solicitó una autorización para la exhumación de su cadáver y, tras ser analizado, mostró que su perfil genético coincidía totalmente con el del semen encontrado en la escena del delito 10 años antes.

4.3.5 Nueva Zelanda.

En febrero de 2001 una peluquera (Marie Jamieson) fue violada y asesinada en Auckland, localizándose restos espermáticos en su ropa interior y cuyo perfil genético no produjo ninguna coincidencia al ser cotejados con la base de datos de ADN.

Un año después, Anneke Bishop fue detenida por conducción temeraria y se le tomó una muestra de ADN que se introdujo en la base de datos. En 2008 la policía

consiguió una autorización para realizar una búsqueda familiar en la base de datos relacionada con el caso de Marie Jamieson y se generó un listado de 49 personas que podían ser familiares del perfil genético encontrado en la ropa interior, siendo Anneke Bishop la primera persona de dicha lista. La LR obtenida para un hermano de ella era mayor de 1.500.000. La Policía, tras diversas investigaciones, averiguó que ella tenía un hermano con un amplio historial policial que incluía agresión sexual y violación. Finalmente, en 2008, su hermano fue detenido por un robo en un supermercado y una muestra de su ADN coincidió con la localizada en el asesinato de Marie Jamieson. Fue declarado culpable y condenado a cadena perpetua con un mínimo de 15 años sin posibilidad de libertad condicional.

4.4 Situación en España.

La legislación española no contempla la posibilidad de las búsquedas de familiares en la base de datos de ADN de interés policial. Sin embargo, la Comisión Nacional para el Uso Forense del ADN elaboró en 2012 un informe técnico donde a partir de distintos ejemplos de su aplicación en casos reales, así como la experiencia legislativa en esta materia en distintos países, concluyó que la búsqueda familiar puede ser un valioso instrumento en la averiguación de indicios criminales, siempre que se hayan agotado otras vías de investigación y que esta herramienta investigativa sea utilizada con las siguientes garantías para que la afectación de derechos sea mínima:

- Es solo una herramienta de investigación y no se debe utilizar como prueba concluyente de culpabilidad.
- Se ha de utilizar solo en delitos graves (como asesinatos en serie o delitos violentos).
- Se necesita una autorización expresa (judicial o fiscal).
- Se usará para indicios que no han dado coincidencias en la base de datos y para los casos en los que se han agotado todas las líneas de investigación.
- El perfil de ADN del indicio debe ser completo y debe existir suficiente material para realizar análisis adicionales.
- Las compatibilidades mediante short tandem repeats autosómicos deben completarse con análisis de short tandem repeats de cromosoma Y y/o ADNmt.

- El valor probabilístico de la compatibilidad debe ser alto.
- Existe un procedimiento de revisión exhaustivo de los datos de ADN y de todos los datos de la investigación antes de dar a conocer los datos de las personas compatibles con el indicio y proceder a la investigación de dichas personas.

4.5 Las bases de datos de ADN con fines de investigación criminal.

La mayoría de los países han desarrollado bases de datos nacionales de perfiles STR autosómicos con fines de investigación criminal en las que se estructuran fundamentalmente dos índices de búsqueda. Por un lado, un índice de perfiles STR obtenidos de vestigios biológicos de la escena del delito o del cuerpo de la víctima. Por otro lado, un índice de perfiles STR obtenidos de individuos que son investigados o condenados (según las distintas legislaciones) en una causa penal. La búsqueda de coincidencias entre los distintos perfiles de ADN en el índice de vestigios anónimos puede revelar la presencia de un mismo perfil de ADN en distintas escenas del delito, lo que permite relacionar distintos delitos con un mismo individuo. La búsqueda de coincidencias de los perfiles de ADN del índice de vestigios biológicos con los perfiles de ADN del índice de investigados o condenados permite obtener un dato primario de identificación de la procedencia individual del vestigio.

4.5.1 El estándar de base de datos en Estados Unidos: El sistema CODIS.

En 1994 la aprobación por el Congreso de los Estados Unidos de la ley DNA identificación autorizó al Laboratorio del FBI a establecer y supervisar una base de datos nacional de ADN en EE UU. El 13 de octubre de 1998, el FBI lanzó oficialmente su base de datos nacional de ADN: El Combined DNA Index system (CODIS) que incluye sistemas de software y hardware utilizados para conectar laboratorios que registran perfiles de ADN a nivel local (LDIS), estatal (SDIS) y nacional (NDIS). El acrónimo CODIS hace referencia también al estándar original de 13 marcadores STR utilizados en dicha base de datos (CSFIPO, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, D13S317, D16S539, D18S51, D21S11, FGA, THO1, TPOX, vWA). A principios de 2015, el FBI anunció, tras un proceso de validación, la inclusión de siete loci adicionales (D1S1656, D2S441, D2S1338, D10S1248 adicionales, D12S391, D19S433 y D22S1045) al estándar de CODIS cuyo uso se

hizo efectivo a partir del 1 de enero de 2017. Los siete nuevos loci, junto con los 13 loci originales, componen en la actualidad los nuevos 20 loci del sistema CODIS. El software CODIS se compone de varios programas o módulos principales que permiten entre otras funcionalidades, el registro y la gestión de perfiles genéticos de STR autosómico, STR cromosoma Y, y ADN mitocondrial (specimen manager), las búsquedas de perfiles de ADN (searcher y autosearcher). La gestión y la disposición de coincidencias entre perfiles de ADN (match manager), la creación y gestión de pedigríes (pedigree manager), la gestión de coincidencias de la búsqueda mediante pedigríes (Rank manager) y la realización de cálculos bioestadísticos (popStats). A la fecha de marzo de 2018, el índice nacional de ADN (NDIS) contenía más de 13.2 90.378 perfiles de delincuentes convictos 3.062.261 perfiles de detenidos e investigados y 845.508 perfiles forenses y se habían detectado 415.135 coincidencia de perfiles de ADN que habían ayudado en la resolución de 399.179 investigaciones criminales.

4.6 La búsqueda familiar de ADN en la investigación criminal.

En el año 2006 se publicaba un artículo en la revista Science titulado "Encontrar criminales a través del ADN de sus parientes" en el que los autores proponían que si un vestigio de la escena del crimen no coincide con ningún delincuente registrado en la Base de Datos Nacional de ADN existe la posibilidad de que un familiar cercano de ese delincuente (con un perfil de ADN similar) esté en la base de datos y que utilizando algoritmos de búsqueda adecuados se podría llegar a identificar al familiar del delincuente y por tanto abrir una línea de investigación para la identificación del mismo. La técnica denominada búsqueda familiar había sido utilizada en el Reino Unido con éxito unos años antes en el caso de Joseph Kappen en el que tres jóvenes de 16 años habían sido estranguladas y violadas en 1973. En el año 2002 los vestigios fueron reanalizados mediante la técnica de low copy number. obteniéndose perfiles de STR que fueron buscados utilizando algoritmos de búsqueda familiar en la Base de Datos Nacional de ADN del Reino Unido encontrando compatibilidad con Paul Kapeen (introducido en la base de datos por robo en un vehículo), hijo de Joseph Kapeen ya fallecido que fue exhumado y analizado, dando su ADN una coincidencia completa con los indicios de semen

obtenidos en los tres casos de violación ocurridos en 1973. El caso de Grim Sleeper es otro ejemplo de una búsqueda familiar realizada en 2010 en California que permitió la identificación de un violador y asesino en serie de 10 casos cometidos desde 1985. ya que los indicios de la escena dieron compatibilidad al 50% con el hijo de Lonnie David Franklin Jr.

La búsqueda familiar en investigación criminal puede definirse, por tanto, como la búsqueda en el índice de imputados/investigados de la Base de Datos nacional de ADN de personas relacionadas genéticamente (padres, hijos, hermanos, ...) con el donante de un indicio anónimo de la escena del crimen registrado en el índice de muestras forenses, como herramienta potencial de investigación para la identificación del donante del indicio.

La búsqueda familiar puede ser de varios tipos:

-Pasiva: se produce de manera accidental (Partial Match) (algoritmo de búsqueda de coincidencia total, High stringency).

-Activa: búsqueda deliberada (algoritmo específico de búsqueda).

-Indirecta: búsqueda de personas relacionadas genéticamente con el donante del indicio.

-Directa:

- Búsqueda del perfil de unos restos abortivos producto de una agresión sexual en el índice de imputados en casos de agresión sexual.
- Búsqueda del perfil del indicio anónimo en el índice de sospechosos mediante sistemas haplotípicos que no permiten distinguir genéticamente determinados miembros de un mismo grupo familiar (en especial registro mediante marcadores Y-STR en imputados en agresiones sexuales).

La investigación criminal por búsqueda familiar plantea problemas desde el punto de vista jurídico y bioético. Existe una probabilidad de que los resultados de la búsqueda de compatibilidades mediante ADN den lugar a un conjunto de candidatos inocentes sobre los que haya que realizar una investigación. Y lógicamente se ven

afectados los aspectos de intimidad, privacidad y confidencialidad de personas inocentes que por el mero hecho de ser familiares de un imputado pueden estar sometidas a una investigación en un proceso penal y por tanto mermado sus derechos.

Por ello, este medio de investigación ha sido analizado en el seno de la comisión técnica permanente y del grupo jurídico y bioético de la CNUFADN, que han concluido que la búsqueda familiar puede ser un valioso instrumento en la averiguación de indicios criminales, siempre que se hayan agotado otras vías de investigación y que sea utilizado con las debidas garantías para que la afectación de derechos sea mínima.

Entre estas garantías incluyen las siguientes:

- Es sólo una herramienta de investigación y no se debe utilizar nunca como prueba concluyente de culpabilidad.
- Utilización sólo en delitos graves (asesinatos en serie, delitos violentos, ...).
- Se necesita una autorización expresa (judicial, fiscal...).
- Para indicios que no han dado coincidencias en la base de datos y para los casos en los que se han agotado todas las líneas de investigación.
- Perfil de ADN del indicio debe de ser completo y debe de existir suficiente material para análisis adicionales.
- Las compatibilidades mediante STR autosómico deben completarse con análisis de Y-STR y/o mtDNA.
- El valor probabilístico de la compatibilidad debe de ser alto.
- Existe un procedimiento de revisión exhaustivo de los datos de ADN y de todos los datos de la investigación antes de dar a conocer los datos de las personas compatibles con el indicio y proceder con la investigación de dichas personas.

4.7 Las bases de datos de ADN para la identificación de personas desaparecidas.

La utilización de bases de datos de ADN cobra también una vital importancia en los procesos de identificación humana en grandes catástrofes o conflictos bélicos que afectan a un gran número de víctimas cuyo estado de conservación (fragmentación, carbonización, esqueletización, ...) puede limitar o incluso imposibilitar la identificación de los cuerpos por los métodos forenses convencionales. En estos casos los perfiles genéticos obtenidos de los restos humanos, estructurados en un índice, pueden ser comparados de forma sistemática con un índice de perfiles de ADN obtenidos a partir de muestras de referencia (saliva o sangre) de familiares, o incluso con un índice de perfiles de ADN obtenidos de muestras ante-mortem de las víctimas (utensilios de aseo personal como cepillos de dientes, peines...). En este tipo de bases de datos además de los marcadores STR Autosómicos del ADN se utilizan otros dos tipos de ADN: El ADN mitocondrial de herencia materna y el ADN del cromosoma Y específico del varón.

4.8 Bases de datos de ADN y sucesos con víctimas múltiples.

En el año 2001 la comunidad científica tuvo que enfrentarse a una de las catástrofes de mayor complejidad técnica desde el punto de vista de la identificación de las víctimas. Se trataba de la identificación de las víctimas de los ataques terroristas del 11 de septiembre de 2001 al World Trade Center de la ciudad de Nueva York en el que se analizaron más de 26.000 restos humanos (incluyendo 13.000 restos óseos) correspondientes a más de 2.700 víctimas de una población abierta.

Dicho esfuerzo científico puso de manifiesto los grandes desafíos del proceso de identificación genética en sucesos con víctimas múltiples e identificó diversos aspectos de mejora en el proceso de identificación de las víctimas, marcando un antes y un después en la investigación forense de las grandes catástrofes. Los avances científicos producidos en esta área científica en la última década han permitido responder en gran medida a la mayoría de estos desafíos.

La naturaleza de suceso inesperado que tienen la mayoría de las grandes catástrofes ha llevado al desarrollo de un gran número de guías internacionales y

nacionales que garantizan un plan de acción predeterminado durante el proceso de identificación desde una perspectiva multidisciplinar, así como al desarrollo de un gran número de recomendaciones científicas sobre distintos aspectos del proceso de la identificación genética que persiguen la estandarización de las distintas fases del proceso. Tales como la toma de muestra, los análisis de ADN o los criterios de interpretación de la prueba.

Otro de los desafíos de una gran catástrofe es la necesidad de gestionar un número de muestras y análisis de ADN en un tiempo reducido, lo que hace imprescindible el desarrollo de sistemas electrónicos de gestión de la información que permiten un alto rendimiento en el registro y la gestión digital de muestras análisis y resultados. Desde un punto de vista más técnico, los desafíos que pueden dificultar la aplicación de la tecnología del ADN son diversos factores, Tales como el mecanismo de destrucción, La localización del desastre y el grado de accesibilidad a los cuerpos para la toma de muestras o las condiciones de conservación de los cadáveres.

El desarrollo de nuevos sistemas de análisis de ADN específicos para el análisis de muestras con un alto estado de degradación, Tales como los marcadores Mini-STR (short tandem repeats) o los Mini-SNP (single nucleotide polymorphism) Ha permitido mejorar el tanto por ciento de éxito en la obtención de perfiles genéticos en estas muestras difíciles. En ocasiones, el desafío de la genética forense en este tipo de investigaciones no proviene del Estado en el que se encuentran las muestras obtenidas de los cadáveres, sino más bien de la falta de registro ante-mortem o familiares adecuados.

El análisis genético comparativo de los perfiles de ADN obtenidos de las muestras post-Mortem y las muestras de referencia (ante-mortem y familiares) en grandes catástrofes requieren la utilización de herramientas bioinformáticas que permitan comparar de forma sistemática un gran número de perfiles genéticos con distintos tipos de herencia (STR, SNs, STR-Y, STR-X y ADNmt) mediante distintos algoritmos de búsqueda.

En todos los casos se deben establecer al menos tres índices de búsqueda:

- Índice de perfiles genéticos procedentes de cadáveres y restos humanos.

- índice de perfiles genético procedentes de las muestras de referencia ante-mortem.
- índice de perfiles genéticos procedentes de las muestras de referencia de familiares

Existen en la actualidad un gran número de sistemas informatizados que permiten realizar este tipo de búsquedas simples para obtener una mayor información de las distintas aplicaciones informáticas utilizadas en la identificación genética de desaparecidos.

Más recientemente se han desarrollado sistemas de nueva generación Tales como el CODIS 7.0 o el sistema Bonaparte, capaces de configurar de forma sencilla árboles familiares con los datos genéticos (STR, STR-Y y ADN mitocondrial) obtenido de muestra de referencia de los miembros de un mismo grupo familiar y comparar de forma sistemática la compatibilidad genética de dichos árboles familiares con los perfiles genéticos de los cadáveres y restos cadavéricos sin identificar. Dicha búsqueda por pedigrí (grupos familiares frente a restos humanos sin identificar) permite obtener un mayor poder de discriminación que en las búsquedas simples de identidad (miembros familiares aislados frente a restos humanos sin identificar) y abre las puertas al análisis de un gran número de relaciones de parentesco que de otra forma sería imposible investigar. Estos sistemas permiten las búsquedas por pedigrí utilizando diversos filtros de búsqueda dependiendo del modo de herencia de los marcadores de ADN utilizados e integran además el cálculo bioestadístico de las compatibilidades detectadas entre los distintos grupos familiares y los restos humanos sin identificar, permitiendo clasificar las posibles identificaciones en relación a los índices de verosimilitud (o Likelihood Ratio, LR) obtenidos en cada caso. El sistema CODIS 7.0 permite, además Re asociar los perfiles genéticos de distintos restos de un mismo cadáver mediante la creación de los "especímenes representativos" lo que simplifica la búsqueda posterior con los perfiles genéticos de los familiares.

con respecto a la situación de este tipo de investigaciones de identificación genética en España, es necesario comentar la aprobación en el año 2009 del "Protocolo

nacional de actuación médico-forense y de policía científica en sucesos con víctimas múltiples que supone la creación de una estructura técnica organizativa, creada por los Ministerios de Justicia y del Interior, que tiene por finalidad la adecuada cooperación entre los profesionales de ambos ministerios (Cuerpo Nacional de Médicos Forenses, el Instituto Nacional de Toxicología y Ciencias Forenses, la Comisaría General de Policía Científica y el Servicio de Criminalística de la Guardia Civil y las Policías Autonómicas) para la identificación de los cadáveres y determinación de las causas y circunstancias de la muerte en situaciones de grandes catástrofes o sucesos de víctimas múltiples.

En dicho Real Decreto se regulan diversos aspectos de los análisis de ADN en grandes catástrofes, como son:

- La obligatoriedad en la obtención de una muestra indubitada del cadáver para la obtención de perfiles genéticos, por si fuese necesario, especialmente si hay que relacionar el cuerpo con restos humanos pendientes de identificar.
- Se establecen los laboratorios de referencia para análisis de ADN (El Instituto Nacional de Toxicología y Ciencias Forenses, La Comisaría General de Policía Científica del Cuerpo Nacional de Policía, El Servicio de Criminalística de la Guardia Civil, los laboratorios de los institutos de Medicina Legal, los laboratorios de las policías autonómicas con competencia) y los criterios de reparto de las muestras y la coordinación de los análisis de ADN.
- Se desarrollan en forma de anexo una serie de recomendaciones técnicas para la recogida y remisión de muestras post-mortem y ante-mortem de ADN con fines de identificación genética en grandes catástrofes.

La investigación de ADN llevada a cabo por parte de la comisaría General de la policía científica y el Instituto nacional de toxicología y ciencias forenses para la identificación de las víctimas de atentado terrorista sufrido en Madrid el 11 de marzo de 2004 es un ejemplo de la utilidad de las bases de datos de ADN para identificación de restos humanos en catástrofes. El cruce de los índices de perfiles STR obtenidos por cada uno de los centros en una única base de datos permitió concluir un gran número de identificaciones genéticas de forma conjunta.

5 RESULTADOS

Argumentos a favor y en contra del uso de la búsqueda familiar.

Argumentos a favor.

- Los perfiles genéticos de familiares cercanos son más similares que los perfiles genéticos elegidos al azar en la población. Un hijo recibe la información genética de sus padres, la mitad de cada uno de ellos. No hay un valor fijo de información genética que compartan 2 hermanos, pero, de media, este valor supera ligeramente el 50%.
- Es una herramienta útil en la investigación policial, que permite aumentar las expectativas de éxito en la resolución de hechos delictivos.
- Permite crear nuevas líneas de investigación cuando el resto de ellas han sido descartadas.
- Desde un punto de vista criminológico hay estudios que ponen de manifiesto que los padres antisociales tienen una mayor probabilidad de tener hijos antisociales por convivencia en el mismo entorno económico-social. Una idea similar manifiesta el Departamento de Justicia de Estados Unidos, que en 1999 afirmaba que el 46% de los encarcelados en ese país declaraban tener algún pariente cercano que alguna vez había sido también encarcelado.
- Diversos estudios ponen de manifiesto que parte de la criminalidad puede estar asociada al nivel socio-económico, y que familiares desfavorecidos económicamente suelen residir en áreas geográficas cercanas. Además, normalmente los delincuentes cometen sus hechos delictivos en zonas cercanas a donde residen.

Argumentos en contra.

Hemos de considerar diversas cuestiones, fundamentalmente de naturaleza ética, a la hora de plantear este tipo de investigación:

- Este tipo de investigación requiere mucho tiempo y esfuerzo económico y en la mayoría de los casos no conducirá a una identificación del autor del hecho

delictivo, por lo que todo el esfuerzo realizado podría haberse reconducido a líneas tradicionales de investigación.

- Violación de la privacidad de la persona que figura en la base de datos de ADN al revelarse a los familiares que un miembro de su familia está en dicha base de datos.
- Con el uso de esta técnica investigativa una persona que tiene su perfil genético en una base de datos expone a sus familiares al escrutinio sin su conocimiento y sin su consentimiento.
- Estadísticamente ciertos grupos (étnicos, de clase social, etc.) tienen mayores tasas de individuos detenidos y/o encarcelados por la comisión de delitos. Por tanto, estarán sobrerrepresentados en la base de datos de interés criminal y ello provocaría que un porcentaje elevado de determinados grupos estaría siendo mayormente escrutado, lo que podría provocar un aumento en la discriminación racial, en la disparidad social, etc.
- El abuso de la información obtenida mediante la búsqueda de familiares puede ser un acoso para la gente inocente o para los familiares del delincuente, los cuales pueden sentirse avergonzados de que sus nombres figuren como potenciales candidatos a investigar, pudiendo llegar a provocar fracturas familiares.
- Pueden revelarse informaciones familiares ocultas (adopción, incesto, adulterio, hijos ilegítimos, etc.).
- Dependiendo del ordenamiento legal en los diferentes países, las víctimas pueden o no incluirse en las bases de datos. En aquellos países donde se incluyan pudiera darse un retraimiento de las víctimas a denunciar delitos si son conscientes de que sus perfiles genéticos pueden utilizarse para incriminar a familiares suyos en otros delitos.
- Ausencia, hasta el momento, de estándares tanto legales como de procedimiento operativo para el uso de este tipo de búsquedas.
- Hay un riesgo de que un familiar lejano pueda identificarse en la búsqueda en la base de datos como un familiar de primer grado (padre/madre, hijo/a y

hermanos/as), lo que puede conllevar errores y retrasos en la investigación policial.

- Requiere de bases de datos de ADN que posean un gran número de perfiles genéticos para que la búsqueda a través de familiares sea efectiva.

6 CONCLUSIONES

Esta revisión indica la utilidad de las búsquedas familiares mediante el empleo de bases de datos policiales de ADN. Sin embargo, ante esta situación, encontramos distintas posturas. Por un lado, los detractores de que tales prácticas se realicen, bien porque puedan originar culpabilidad por asociación y discriminación racial, bien porque podrían vulnerar derechos constitucionales en las diferentes legislaciones y/o en un sentido amplio porque se apartan de la finalidad inicial de las bases de datos, que era utilizar el ADN de una persona con el único objetivo de su identificación. Otra visión se inclina por una máxima extensión: si ya tenemos bases de datos con un elevado número de perfiles genéticos y si se puede utilizar la búsqueda familiar el siguiente paso podría ser la creación de bases de datos de ADN universales, es decir, que toda la población de un país estuviera tipada. Finalmente, encontramos otra corriente de opinión que se muestra favorable a permitir las búsquedas familiares, pero con una estricta regulación legal.

A la vista de lo expuesto, sería aconsejable que existiera una regulación legal clara en esta materia y que recogiera, entre otras cuestiones:

- La posibilidad o no de realizar este tipo de investigaciones familiares, y si se acepta la posibilidad, establecer claramente para qué tipos de delitos (asesinatos, agresiones sexuales, etc.) sería posible su uso.
- Si estas investigaciones podrían llevarse a cabo con todas las personas existentes en la base de datos o se diferenciaría entre sospechosos, detenidos, condenados, etc.
- Establecer que el objetivo del análisis serían los perfiles genéticos existentes en la base de datos de acuerdo con criterios científicos (alelos compartidos, escala de LR obtenidas, etc.) y posteriormente, a fin de refinar la búsqueda entre los candidatos elegidos, cuestiones como la etnicidad, la edad y otra posible información demográfica existente podrían ser utilizadas, y no al revés.
- Que dado que en una búsqueda familiar se obtendrán candidatos a investigar y que finalmente la mayoría de ellos (si no todos) serán considerados como

candidatos no adecuados para la búsqueda familiar a investigar, se debería establecer con nitidez qué personas podrían tener acceso a los resultados obtenidos de una búsqueda familiar a fin de salvaguardar la intimidad de aquellas personas que no guarden relación con el delito investigado. Además, las personas con acceso a esta información deberían contar con formación especializada y pertenecer a laboratorios acreditados según la norma ISO 17025.

- La necesidad o no de establecer una fecha límite para la resolución del caso mediante esta herramienta de investigación y, en todo caso, la necesidad de tomar una nueva muestra y realizar un análisis genético al sospechoso identificado mediante una búsqueda familiar a fin de confirmar la coincidencia exacta entre su perfil genético y el localizado en la escena del delito.
- Factores necesarios para proceder a la detención de un sospechoso tras investigación de familiares en la base de datos (debe recordarse que esta búsqueda únicamente sirve para complementar otras vías de investigación policial y no tiene un fin en sí misma) y el uso de esta información en los Tribunales de Justicia.

7 BIBLIOGRAFÍA.

(Rori V Rohlf, Erin Murphy, Yun S Song, Montgomery Slatkin, 2013) (Steven P Myers, Mark D Timken, 2011)

(s.f.).

David C. Rowe, David P. Farrington. (7 de marzo de 2006). *Wiley online library* .
Obtenido de <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/j.1745-9125.1997.tb00874.x>

Case ofs. and Marper V. The united Kingdom . (mayo de 2018). Obtenido de
<https://www.legislation.gov.uk/ukpga/2012/9/contents/enacted>

CODIS. (mayo de 2018). Obtenido de Combined DNA Index System:
<https://www.fbi.gov/how-we-can-help-you/dna-fingerprint-act-of-2005-expungement-policy>

Comision Nacional para el uso forense del ADN. (julio de 2016). Obtenido de
<https://www.administraciondejusticia.gob.es/error>

Curran JM, Buckleton JS. . (diciembre de 2008). *National Library of Medicine*.
Obtenido de <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/19192677/>

E, M. (2010). *scopus preview*. Obtenido de <https://www.scopus.com/home.uri>

Erica Haines . *J Law Med Ethics* . . (marzo de 2006). *National Library of Medicine*.
Obtenido de <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/16789948/>

frederick R Bieber, charles H Brenner y David Lazer. (2 de junio de 2003). *science*.
Obtenido de <https://www.science.org/doi/10.1126/science.1122655>

Gershaw , C. J. (enero de 2011). *National Library of Medicine*. Obtenido de
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/20739248/>

Henry T Greely y otros. *J Law Med Ethics* . (marzo de 2006). *National Library of Medicine* . Obtenido de <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/16789947/>

International Commission on Missing Persons . (Mayo de 2018). Obtenido de ICMP:
www.icmp.int.

James M curran y John S. bucketon. (diciembre de 2008). *revista Elsevier* . Obtenido de
<https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1355030608000634>

Marieke van de Rakt, Paul Nieuwbeerta y Nan adiel de Graaf . (18 de marzo de 2008). *the british journal oficial criminology*. Obtenido de
<https://academic.oup.com/bjc/article-abstract/48/4/538/538734?redirectedFrom=fulltext>

Morrish. (1955). *The police and Crime- Detection Today* . Obtenido de Oxford University Press: <https://colegiocriminologosmadrid.es/el-principio-de-intercambio-de-locard/amp/>

Noël, F. (mayo de 2018). *ENFSI*. Obtenido de <https://enfsi.eu/about-enfsi/structure/working-groups/dna/>

Óscar García ,Manuel Crespillo e Iñaki Yurrebasoa. (septiembre de 2016). *Revista española de medicina legal*. Obtenido de https://www.researchgate.net/publication/308144785_Identificacion_de_sospechosos_a_traves_de_búsquedas_familiares_en_la_base_de_datos_de_ADN_de_interes_criminal_Implicaciones_sociales_eticas_y_cientificas

Óscar García, Manuel Crespillo, Iñaki Yurrebaso. (enero a marzo de 2017). *ELSEVIER* . Obtenido de REVISTA ESPAÑOLA DE MEDICINA LEGAL: <https://www.elsevier.es/index.php?p=revista&pRevista=pdf-simple&pii=S0377473216300505&r=285>

Peter M. Visscher, Sarah E Medland, Manuel A.R Ferreira, Katherine I Morley, Gu Zhu, Belinda K Cornes, Grant W montgomery, Nicholas G Martín. (marzo de 2006). *PLOS GENETICS*. Obtenido de <https://journals.plos.org/plosgenetics/article?id=10.1371/journal.pgen.0020041>

Rori V Rohlf, Erin Murphy, Yun S Song, Montgomery Slatkin. (14 de agosto de 2013). *PLOS ONE* . Obtenido de <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0070495>

shelton N, Grundy E . (2006). *scopus preview* . Obtenido de <https://www.scopus.com/home.uri>

Shelton N, Grundy E. (1999). *Google académico*. Obtenido de https://scholar.google.com/scholar_lookup?title=Looking%20beyond%20the%20household%3A%20Intergenerational%20perspectives%20on%20living%20kin%20and%20contact%20with%20kin%20in%20Great%20Britain&author=N.%20Shelton&publication_year=1999&pages=19-27

Steven P Myers, Mark D Timken. (noviembre de 2011). *revista Elsevier* . Obtenido de <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1872497310001766>

T. Hicks, F.Taroni, J.curran, J.Buckleton, V. Castella, O. Ribaux. (octubre de 2010). *Revista Elsevier*. Obtenido de <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1872497309001884>

Wim bernasco y Theesa Kooistra. (1 de julio de 2010). *sage journals* . Obtenido de <https://journals.sagepub.com/doi/10.1177/1477370810363372>

Wim bernasco, Paul Nieuwebeerta. (2 de agosto de 2004). *The british journal of criminology* . Obtenido de <https://academic.oup.com/bjc/article-abstract/45/3/296/505368?redirectedFrom=fulltext&login=false>

8 ANEXOS

Glosario

ADN: Molécula del interior de las células que contiene la información genética responsable del desarrollo y el funcionamiento de un organismo.

ADN autosómico: Significa que el gen en cuestión se encuentra en uno de los cromosomas numerados, ubicados dentro del núcleo, y no sexuales.

Algoritmo de búsqueda: Un algoritmo de búsqueda es un conjunto de instrucciones que están diseñadas para localizar un elemento con ciertas propiedades dentro de una estructura de datos; por ejemplo, ubicar el registro correspondiente a cierta persona en una base de datos.

Algoritmo de búsqueda familiar: es un sistema utilizado para encontrar a un familiar deseado dentro de una base de datos.

Alelos: Un alelo es una de dos o más versiones de una secuencia de ADN (una base única o un segmento de bases) en una ubicación genómica determinada. Las personas heredan dos alelos, uno de cada progenitor, para cualquier ubicación genómica dada donde existe dicha variación.

Bases de datos de perfiles genéticos: Es la información sistematizada de los perfiles genéticos obtenidos, analizados y resguardados provenientes del ácido desoxirribonucleico o ADN de un individuo a quien pertenece una muestra.

Búsqueda familiar directa: se refiere a la búsqueda de parentesco entre un pariente de primer grado con una persona al azar ya que un pariente de primer grado es un familiar que tiene en común aproximadamente la mitad de su información genética con otras personas específicas de su familia. Los parientes de primer grado incluyen los progenitores de una persona y sus hijos.

Búsqueda familiar indirecta: son acciones destinadas a ayudar a una persona extraviada o fallecida a reunirse con su familia con el simple hecho de tener un descendiente directo con quien comparar ADN.

Ciencias forenses: es una de las disciplinas donde se realizan multitud de investigaciones para obtener información relevante sobre los hechos, con pruebas sostenidas en cualquier procedimiento judicial que lo amerite.

Criminalística: es una disciplina científica aplicada que se ocupa de la recolección, preservación, análisis e interpretación de evidencia en una investigación criminal.

Coincidencia: Coincidencia es el acto y el resultado de coincidir.

Coincidencia genética: es el proceso de secuenciar su ADN y compararlo con el de otras personas en una base de datos. Cuando se encuentra una persona con una cantidad significativa de ADN que es idéntica a la suya, eso puede indicar que tienen un ancestro común. En la investigación de casos criminales hablamos de coincidencia cuando encontramos un perfil genético en la escena del delito que es igual al de un sospechoso o imputado.

Cromosomas autosómicos: Término relacionado con los 22 pares de cromosomas numerados que se encuentran en la mayoría de las células de los seres humanos. Los pares de cromosomas autosómicos se enumeran del 1 al 22 de acuerdo a su tamaño o al número de genes que contiene cada par.

Cromosomas sexuales: es un tipo de cromosoma involucrado en la determinación del sexo. Los seres humanos y la mayoría del resto de los mamíferos tienen dos cromosomas sexuales, X e Y, que en combinación determinan el sexo de una persona, XX para una mujer y XY para un hombre.

Cromosoma y: El cromosoma Y contiene un "gen determinante masculino": el gen SRY, que hace que se formen testículos en el embrión y da como resultado el desarrollo de genitales masculinos externos e internos.

Coincidencia parcial: Las Coincidencias de ADN son el proceso de secuenciar su ADN y compararlo con el de otras personas en una base de datos.

Escena del delito: Es el lugar en donde se ha cometido un hecho delictivo, en el cual podemos encontrar indicios, evidencias y señales materiales de su perpetración.

Familiares indirectos: parentesco que se tiene con personas que no descienden o ascienden directamente, sino que dependen de algún descendiente directo, como, por ejemplo: los tíos, sobrinos, primos.

Herencia mendeliana: Las leyes de Mendel son el conjunto de reglas básicas sobre la transmisión por herencia genética de las características de los organismos progenitores a su descendencia. Constituyen el fundamento de la genética. Hay tres principios: Principio de la uniformidad, Principio de segregación, Principio de la transmisión independiente.

Indicio biológico y/o indicio criminal: Todo objeto, localizado en el lugar de hechos y que por sus características se trate de algún tejido o fluido de origen biológico humano. *Sangre *Dientes *Saliva *Piel *Semen *Músculo *Huesos.

Linaje paterno: se caracteriza por estudiar unas zonas en concreto del cromosoma Y, que se hereda de padres a hijos sin prácticamente modificaciones genéticas, es decir, este cromosoma se pasa a las siguientes generaciones sin alteraciones significativas hablando en este caso de un haplotipo.

LR o likelihood ratio o índice de verosimilitud: se definen como cuántas veces es más probable que un paciente con la enfermedad tenga un determinado resultado en el test que pacientes sin la enfermedad. En genética forense es el resultado o cociente entre dos hipótesis que generalmente es la hipótesis de la fiscalía en el numerado entre la hipótesis de la defensa en el denominador.

Marcadores genéticos: Un marcador genético o marcador molecular es un segmento de ADN con una ubicación física identificable (locus) en un cromosoma y cuya herencia genética se puede rastrear.

Los tipos de marcadores genéticos son los siguientes:

Basados en proteínas

* Isoenzimas

* Proteínas de reserva

Basados en el ADN

* RFLP (o Polimorfismo en la longitud de fragmentos de restricción)

* AFLP (o Amplified fragment length polymorphism)

* RAPD (o Random amplification of polymorphic DNA)

* VNTR (o Número variable de repeticiones en tándem)

* SNP (o Single-nucleotide polymorphism)

* SFP (o Single-feature polymorphism)

Marcadores de linaje: estos son el ADN mitocondrial y cromosoma Y, permiten caracterizar la ancestralidad de las poblaciones humanas y por ello son idóneos para hacer inferencias sobre la evolución, movimientos migratorios y mezcla de poblaciones, así como para determinar el origen étnico-geográfico.

Marcadores genéticos o STR (short tandem repeat): Son fragmentos de ADN que se repiten consecutivamente y entre sus características es que cuentan con una alta tasa de mutación.

Polimorfismo genético: es la presencia de dos o más formas variantes de una secuencia específica de ADN que puede producirse entre diferentes personas o poblaciones.

Perfil genético: se refiere a un conjunto de marcadores, de los cromosomas autosómicos, de repeticiones cortas de ADN en forma de tándem o bloque (Ej. AATG AATG AATG AATG), conocidos como STR (de las ingles, Short Tandem Repeat) que sirven para establecer la identidad de las personas.

Perfil genético dubitado: es un perfil genético obtenido a partir del procesamiento de una muestra biológica o evidencia encontrada en la escena de un crimen, cuyo aportante se desconoce.

Perfil genético indubitado: es el perfil genético perteneciente a un aportante identificado o conocido; es decir, se sabe a quién pertenece.

Ranking de semejanza: Se refiere a la poca diversidad genética que existe a nivel mundial.

Sospechosos: Sospechoso es aquel o aquello que da motivos para sospechar. Este verbo, por su parte, refiere a desconfiar o recelar por conjeturas fundadas en apariencias o en indicios de verdad.

Victima: Persona física que directa o indirectamente ha sufrido daño o el menoscabo de sus derechos producto de una violación de derechos humanos o de la comisión de un delito.

Principio de intercambio de Locard.

En el año 1910, un criminalista francés, el Doctor Edmun Locard, enunció lo que se convirtió en uno de los principios fundamentales sobre los que se ha basado la ciencia criminalística moderna. Según se le atribuye en la obra de R. Morrish, en su obra "The Police and Crime-Detection Today", su afamado principio dice que "siempre que dos objetos entran en contacto transfieren parte del material que incorporan al otro objeto" (Morrish 1955) o, diciéndolo de una forma más sencilla, "todo contacto deja un rastro". El creía que no importa a donde vayan los criminales o lo que hagan los criminales, estando en contacto con cosas, los criminales dejan todo tipo de evidencia, incluyendo ADN, huellas, cabellos, células de piel, sangre, fluidos corporales, piezas de vestimenta, fibras y más. A la misma vez, ellos toman también algo desde la escena.

Se ha planteado que cuando dos cuerpos "A" y "B" interactúan, se produce un contacto inevitable entre dos elementos distintos, lo cual necesariamente genera una transferencia de elementos materiales, en muchos casos una transferencia mutua o intercambio, de evidencias físicas.

No importa en cuantos minutos los rastros de materiales físicos (rastros de evidencia) cuenten una historia. El rastro de evidencia es factual. A diferencia de los humanos, no puede ser confundida por la excitación del momento, y no olvida. Es un testigo silencioso que habla cuando los humanos no pueden. La evidencia física no puede estar equivocada, no puede mentir, no puede estar totalmente ausente. Solo la falla humana para encontrarla, estudiarla y entenderla, puede disminuir su valor.

Cuando ha ocurrido un crimen, el objetivo del Investigador de la Escena del Crimen es reconocer, documentar y recolectar evidencia desde la escena de un crimen, y de algo o alguien que tenga contacto con la escena del crimen.

Resolver el crimen es entonces dependiente de la habilidad de los investigadores para juntar todas las piezas de evidencia para formar un cuadro de lo ocurrido.

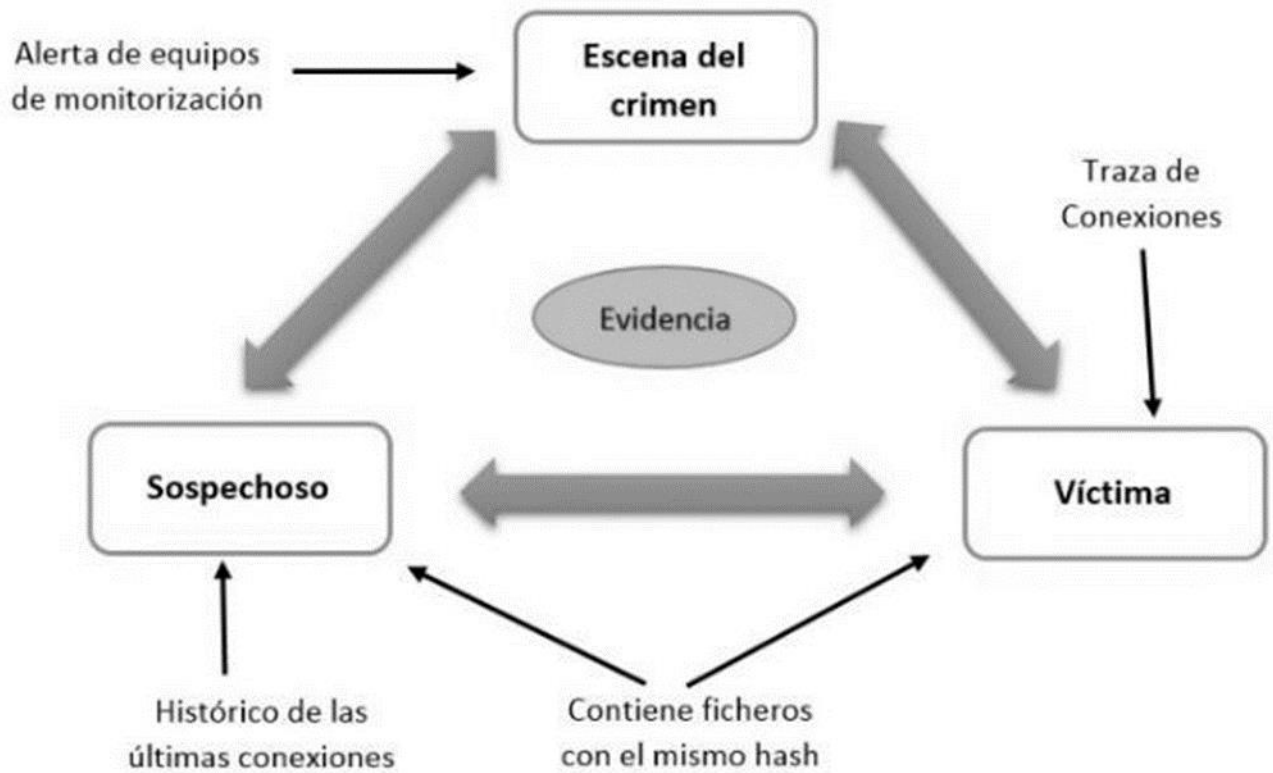
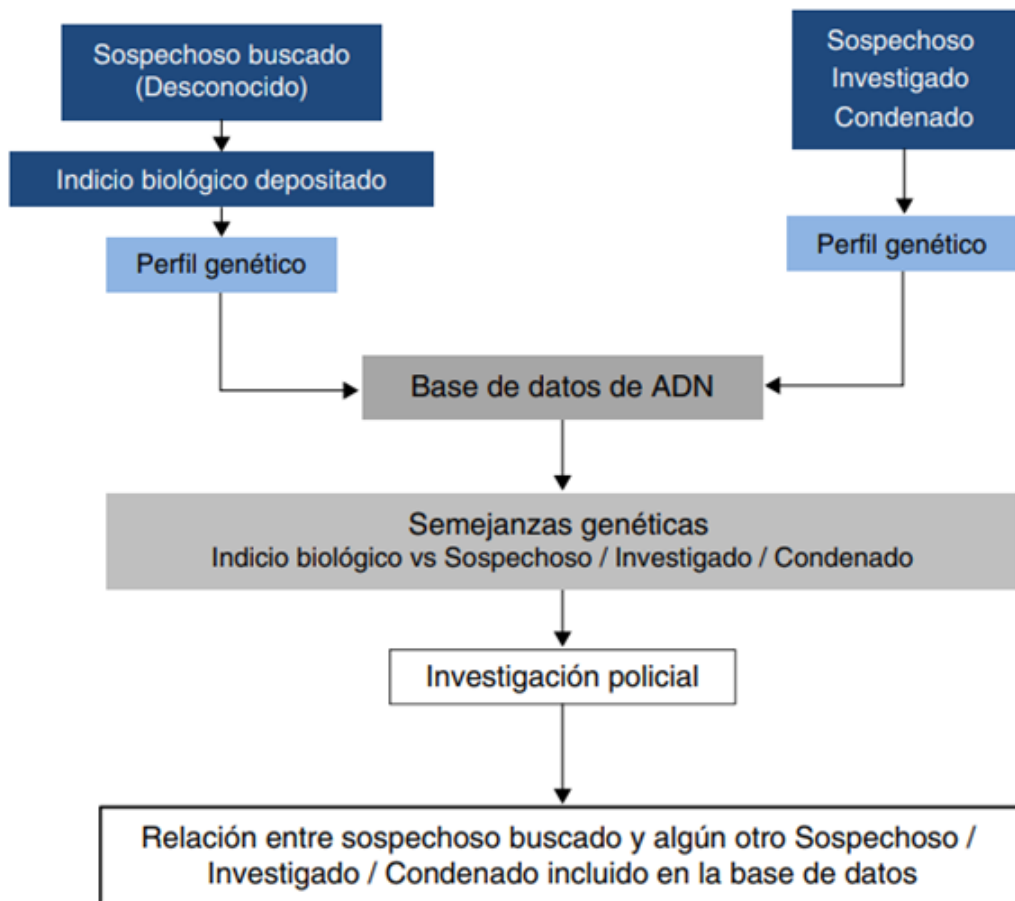


Figura 1: Esquema del proceso de búsqueda familiar.



IDENTIFICACIÓN DE SOSPECHOSOS A TRAVÉS DE BÚSQUEDAS FAMILIARES EN LA BASE DE DATOS DE ADN DE INTERÉS CRIMINAL. IMPLICACIONES SOCIALES, ÉTICAS Y CIENTÍFICAS.



En este apartado se dará una visión de la situación de las búsquedas familiares en diferentes países y presentaremos una serie de casos donde la búsqueda familiar ha posibilitado la resolución de los hechos investigados.



Bibliografía:

Óscar García, Manuel Crespillo, Iñaki Yurrebaso. (enero a marzo de 2017). ELSEVIER. Obtenido de REVISTA ESPAÑOLA DE MEDICINA LEGAL: <https://www.elsevier.es/index.php?p=revista&pRevista=pdf-simple&pii=S0377473216300505&r=285>

INTRODUCCION

El uso de la tecnología del ADN ha revolucionado la ciencia forense en los últimos años, convirtiéndose en una herramienta de incalculable valor en los procesos de investigación e identificación forense. La búsqueda familiar es una estrategia importante que permite establecer relaciones familiares entre el perfil genético hallado en la escena del delito, y objeto de la investigación, y eventuales familiares que pudieran encontrarse en dicha base de datos. Esta identificación de potenciales familiares puede permitir la identificación de la persona desconocida y la resolución del hecho delictivo.

MARCO TEORICO

Existen 2 diferentes tipos de búsquedas familiares: Búsqueda familiar directa y búsqueda familiar indirecta.

Principio de intercambio de Locard: su afamado principio dice que "siempre que dos objetos entran en contacto transfieren parte del material que incorporan al otro objeto" (Morrish 1955) o, diciéndolo de una forma más sencilla, "todo contacto deja un rastro".

RESULTADOS

Argumentos a favor.

Los perfiles genéticos de familiares cercanos son más similares que los perfiles genéticos elegidos al azar en la población. Un hijo recibe la información genética de sus padres, la mitad de cada uno de ellos.

Argumentos en contra.

Este tipo de investigación requiere mucho tiempo y esfuerzo económico y en la mayoría de los casos no conducirá a una identificación del autor del hecho delictivo, por lo que todo el esfuerzo realizado podría haberse reconducido a líneas tradicionales de investigación.

CONCLUSIONES

Esta revisión indica la utilidad de las búsquedas familiares mediante el empleo de bases de datos policiales de ADN.

Establecer que el objetivo del análisis serían los perfiles genéticos existentes en la base de datos de acuerdo con criterios científicos (alelos compartidos, escala de LR obtenidas, etc.) y posteriormente, a fin de refinar la búsqueda entre los candidatos elegidos, cuestiones como la etnicidad, la edad y otra posible información demográfica existente podrían ser utilizadas, y no al revés.