La Genética Forense: uso y limitaciones

Forensic Genetics: Use and Limitations

Dra. Yoruanys Suñez Tejera
Profesora
Universidad de La Habana
Cuba
yoruanys@gmail.com
0000-0003-0157-7429

RESUMEN

El ADN está presente en la mayoría de las células del cuerpo humano. Es exclusivo de cada persona, la cual deja un rastro allá donde va. Los investigadores forenses aprovechan dicha circunstancia para obtener información sobre los lugares y las personas donde y con las cuales ha estado. Su utilización suele ayudar a identificar sospechosos cuando las demás líneas de investigación se encuentran estancadas o descartar culpables. Es propósito del artículo evaluar su empleo y limitaciones.

Palabras clave: *genética forense, investigación, ADN.*

ABSTRACT

DNA is present in most cells of the human body. It is exclusive to each person, who leave a trail where you go. Forensic investigators take advantage of this circumstance to obtain information about the places and people, where and with whom they have been. Their use usually helps to identify suspects when the other lines of investigations are stagnant or to rule out culprits. It is purpose of this article to evaluate its use and limitations.

Keywords: *forensic genetics, investigation, DNA.*

Introducción

El Ácido desoxirribonucleico, en lo adelante ADN, se usa en la investigación criminal o en la identificación de personas desaparecidas. La concepción de que la ciencia forense es infalible e inmediata, ha generado una visión distorsionada de la prueba en jueces, fiscales y, especialmente, en investigadores o instructores policiales, que sostienen los criterios de culpabilidad o inocencia del acusado en los resultados que su examen revela.

La identificación con ADN o «huella genética» se basa en el estudio de una serie de fragmentos de ADN presentes en todos los individuos, pero que poseen la característica de ser altamente variables o polimórficos entre los mismos. El análisis de un determinado número de estas secuencias o fragmentos permite identificar a una persona con una probabilidad muy cercana al 100 %.

Además de ser muy polimórfico, el ADN que se utiliza para la identificación en la Genética Forense es un ADN no codificante o no expresivo,[1] por lo que no revela características

fenotípicas de los individuos; particular que posee gran importancia a la hora de considerar la creación de las bases de datos genéticas. Para analizar dichos polimorfismos los laboratorios utilizan una serie de técnicas que están en continua evolución, consiguiendo que cada vez su identificación sea más precisa y rápida.

En Cuba, aunque su uso data de varios años,[2] solo existe un laboratorio encargado de procesar las pruebas de ADN, por lo que son practicadas en los casos que revelan mayor peligrosidad social y que urge, en especial, demostrar la culpabilidad del acusado cuando los medios con los que se cuenta no son suficientes, o delimitar la cantidad de sospechosos cuándo se duda de varios sujetos. Consecuentemente, el tema es poco difundido, por lo que es objetivo de la presente investigación evaluar su empleo y limitaciones a fin de contribuir a la superación de los juristas e investigadores criminales, así como a una adecuada impartición de justicia.

¿Qué es un perfil genético?

El ADN es un ácido nucleico que contiene las instrucciones genéticas usadas en el desarrollo y funcionamiento de todos los organismos vivos y algunos virus, y es responsable de su transmisión hereditaria. La función principal de la molécula de ADN es el almacenamiento a largo plazo de información para construir otros componentes de las células, como las proteínas y las moléculas de ARN. Los segmentos de ADN que llevan esta información genética son llamados genes, pero las otras secuencias de ADN tienen propósitos estructurales o toman parte en la regulación del uso de esta información genética (Clayton & Dennis, 2003).

Desde el punto de vista químico, el ADN es un polímero de nucleótidos, es decir, un polinucleótido. Un polímero es un compuesto formado por muchas unidades simples conectadas entre sí, denominadas nucleótido, y cada nucleótido, a su vez, está formado por un azúcar, una base nitrogenada y un grupo fosfato que actúa como enganche entre estos (Ferrer, 2011).

Lo que distingue un nucleótido de otro es, según Ferrer, la base nitrogenada, y por ello la secuencia del ADN se especifica nombrando solo la secuencia de sus bases. La disposición secuencial de estas cuatro bases a lo largo de la cadena es la que codifica la información genética. En los organismos vivos, el ADN se presenta como una doble cadena de nucleótidos, en la que las dos hebras están unidas entre sí por unas conexiones denominadas puentes de hidrógeno (Ferrer, 2011).

La mayoría de los perfiles de ADN que se obtienen en los laboratorios forenses se basan en el estudio simultáneo de un conjunto de 10 a 17 regiones cortas del ADN nuclear, denominadas Short Tandem Repeats (STRs), que están distribuidas en los distintos cromosomas humanos y que presentan una alta variabilidad de tamaño entre los distintos individuos. El número de veces que se repite esta unidad de secuencia presenta una gran variabilidad entre los individuos de una población. Como estos perfiles tienen una procedencia compartida al 50 % por el padre y la madre, se pueden utilizar también en

la investigación biológica de la paternidad (Alonso, 2011).

¿Qué puede revelar el ADN?

Las características del ADN posibilitan que se suela utilizar para identificar sospechosos cuando las demás líneas de investigación se encuentran estancadas. Contribuye también a esclarecer errores judiciales por los que se ha declarado culpable a personas inocentes e identificar los restos de víctimas de catástrofes y atrocidades masivas. Favorece la investigación biológica de la paternidad y otras relaciones de parentesco. Por tales motivos se ha convertido en una de las herramientas más precisas para la identificación de individuos y es utilizado por miles de laboratorios.

Es tal su poder para identificar, condenar y exonerar, que muchos los perciben como infalible, sin embargo, presenta ciertas limitaciones.

- Puede ser indetectable o encontrarse en restos tan diminutos que dificulten su interpretación.
- Su análisis puede estar sujeto a errores y sesgos.
- Los perfiles de ADN se pueden interpretar de manera incorrecta.
- Se puede exagerar su importancia.

Si se detecta ADN en el lugar del delito, esto no determina la culpabilidad del sujeto a quien pertenezca. Por lo que debe considerarse dentro de un marco compuesto por otras pruebas, en lugar de ser el único instrumento para resolver delitos (Wienroth, Morling, & William, 2014).

El caso de Adam Scott, por ejemplo, constituye un sesgo de confirmación, por el cual se ignora o desestima información inoportuna para la acusación. El científico dio por hecho que, puesto que se encontró esperma, todo el ADN masculino debía provenir de este, cuando en realidad, el ADN de Scott procedía de una muestra de saliva. Fue arrestado en octubre de 2011 y acusado posteriormente de violar a una mujer en Mánchester.

El científico forense que procesó la muestra declaró que «la posibilidad de obtener un perfil de ADN coincidente de alguien no emparentado con Adam Scott es de aproximadamente mil millones» (Informe sobre las circunstancias de una denuncia recibida por parte de la Policía del Gran Mánchester el 7 de marzo de 2012 sobre prueba de ADN proporcionada por LGC Forensics, 2019). Sin embargo, este declaró que en el momento del delito se hallaba en una ciudad, Plymouth, a más de 300 km de distancia y que nunca había estado ahí.

Por sí mismo un perfil de ADN no puede proporcionar información sobre el fluido corporal del que procede ni conducir a la conclusión de que se mantuvieron relaciones sexuales. Dos meses después de su detención, se supo que el señor Scott unas horas antes de ocurrir el delito, se hallaba ciertamente donde dijo estar, por los registros telefónicos, ya que realizó desde este una llamada. Finalmente, tras cinco meses en prisión preventiva, fue puesto en

libertad (Interpretando la Genética Forense, 2019).

Una investigación posterior reveló que Scott fue implicado como consecuencia de una contaminación accidental de las muestras durante su análisis en el laboratorio. El día anterior a su procesamiento de las muestras de la víctima, el laboratorio había procesado una muestra de ADN de Scott por un delito de atentado a la autoridad en Exeter, Reino Unido, durante el cual un individuo escupió a la policía (Interpretando la Genética Forense, 2019).

Un 99.9 % de nuestro ADN es idéntico al del resto de seres humanos. El 0.1 % restante es el que nos diferencia como individuos y, por tanto, de suma importancia para los genetistas forense (Interpretando la Genética Forense, 2019)

En todas las células del cuerpo, salvo en los glóbulos rojos, encontramos la misma secuencia de ADN y, puesto que estamos continuamente desprendiendo células en nuestro entorno, dejamos un rastro de ADN allí donde vamos. Es posible dejar rastros de ADN en todos los sitios y en todo lo que tocamos (Interpretando la Genética Forense, 2019).

Hasta el año 2000 aproximadamente, los genetistas forenses no eran capaces de generar un perfil a partir de cantidades diminutas de muestra de material biológico. Sin embargo, a medida que se han ido desarrollando las técnicas forenses de ADN, según Thompson, se ha aumentado su sensibilidad, es decir, su capacidad para detectar cantidades cada vez más pequeñas de este (Lam, Tokusumi, Tokusomi, & Schulz, 2014).

La facilidad con la que se puede extraer los perfiles de ADN de distintos tejidos corporales también varía. Resulta relativamente fácil generar un perfil a partir de sangre, saliva y semen, que extraerlo de objetos con los que se ha estado en contacto y en los que a menudo solo hay un pequeño número de células de la piel.

¿Cuántas clases de ADN se utilizan en el ámbito forense?

Además de este ADN autosómico heredado al 50 % de nuestros progenitores, otros dos tipos de ADN humano tienen gran interés en las investigaciones forenses. El ADN mitocondrial (mtADN) es un pequeño genoma localizado dentro de las mitocondrias que es heredado por vía materna. Todos los miembros de un mismo grupo familiar que compartan esta línea tendrán el mismo mtADN. Dado que la variabilidad genética de su secuencia es menor que la del genoma nuclear, el perfil genético que se obtiene presenta un poder de discriminación mucho más limitado. Por otro lado, su mayor ventaja es que se encuentra en un gran número de copias en cada célula (hay entre 100 y 1000 copias de mtADN por una de genoma nuclear) y, por tanto, se puede detectar en muchos casos en los que no es posible la obtención de ADN nuclear, por ejemplo, en los tallos de pelos y restos óseos antiguos (Alonso, 2011).

El estudio del ADN del cromosoma Y, implica que todos los miembros varones de un grupo familiar que compartan la línea paterna tienen el mismo haplotipo de cromosoma Y. El análisis de sus regiones STR (Y-STR) permite obtener un patrón genético específico del varón,

lo que resulta muy útil en la identificación genética de restos de semen y otros fluidos biológicos en los casos de agresiones sexuales a mujeres (Alonso, 2011).

¿Qué técnicas se pueden emplear?

Tras la recogida de las muestras y el envío al laboratorio, los genetistas forenses proceden a la obtención de los perfiles genéticos de las muestras debitadas (sangre, semen, saliva, orina, pelos, tejidos, restos celulares en objetos usados o tocados) y las muestras de referencia (normalmente una toma bucal mediante hisopo o una muestra de sangre), utilizando varias técnicas, de las cuales se relacionan algunas:

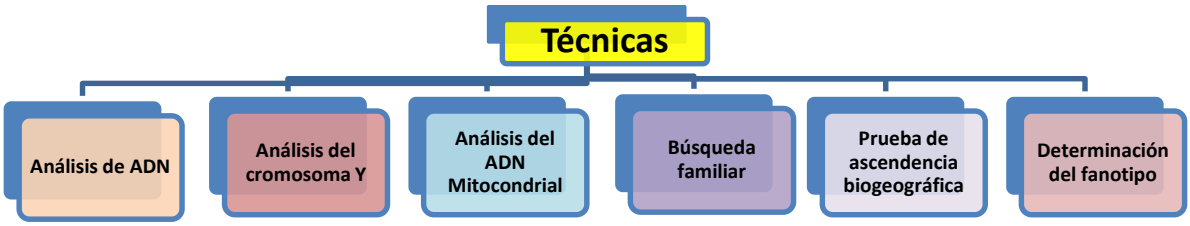

Figura 1. Técnicas empleadas.

Fuente: Elaborado por la autora

- Análisis de ADN: Método que se usa para obtener el perfil genético de una persona (las características específicas de parte de su ADN).
- Análisis del cromosoma STRs: Método que se usa para obtener información genética del cromosoma Y (solo está presente en varones).
- Análisis del ADN mitocondrial: Método que se usa para estudiar el ADN presente en diminutas fábricas de energía ubicadas dentro de todas las células humanas llamadas mitocondrias.
- Búsqueda familiar: Consistente en buscar en una base de datos de ADN perfiles que coincidan parcialmente con el perfil de ADN encontrado en el lugar del delito.
- Pruebas de ascendencia biogeográfica: Permite identificar los orígenes geográficos aproximados, por ejemplo, África, Eurasia Occidental, Asia Oriental, entre otros.
- Determinación del fenotipo: Se puede utilizar para realizar predicciones sobre la apariencia de una persona, por ejemplo, color del pelo y los ojos.

Gran parte del ADN humano es prácticamente idéntico en todos los individuos, y por eso los científicos forenses no lo analizan todo, lo que resultaría muy caro. En su lugar se concentran en regiones cortas y muy variables de ADN repetitivo, llamadas repeticiones cortas en tándem o STRs. Su longitud difiere según la persona y se pueden usar como marcadores

genéticos para generar un perfil de ADN que sea muy poco frecuente en la población.

¿Cuál es la probabilidad de que su ADN coincida con el de otra persona?

Depende del número de marcadores de ADN (loci) que se analicen. Como en la actualidad los laboratorios de genética forense europeos suelen analizar los STRs de 15 o más loci, la probabilidad de que dos perfiles de ADN coincidan de forma fortuita es minúscula, en torno a 1 en 100 000 000 000 000 000 (Welch, 2012). En la medida que se examinan más loci, la probabilidad de que dos personas tengan una coincidencia exacta disminuye rápidamente. En la búsqueda de perfiles, se pueden hallar:

- Perfil completo: Cuando coinciden todos los loci, más el marcador del sexo.
- Perfil parcial: Un perfil de ADN incompleto en el que no se han obtenido resultados para algunos de los marcadores genéticos analizados. Esto puede deberse a que el ADN se haya deteriorado, por ejemplo, debido a la exposición al calor, el agua o microorganismos, o bien porque el ADN esté presente en niveles tan bajos que no se pueda obtener información precisa sobre los marcadores.[3]
- Perfil mezclado: Un perfil de ADN de dos o más contribuyentes, por ejemplo, el de la víctima y el sospechoso.
- ADN de fondo: Es el perfil que se mezcla con el ADN existente en el lugar del hecho antes de ocurrir este.

Un ejemplo de perfil completo, que permitió detectar al verdadero autor tiempo después de hallado este, fue el obtenido en el caso del asesinato de Rocío Wanninfhof, uno de los mayores errores judiciales de la historia española, tras sancionar a quince años y un día de prisión a María Dolores Vázquez por un hecho que jamás cometió, en 1999, a pesar de que insistía en su inocencia y aportase pruebas, llamadas telefónicas y testigos, que corroboraban su dicho. Las autoridades aseguraron que unas fibras encontradas en su ropa deportiva correspondían casi al cien por cien con la ropa de la fallecida, cómo argumento fundamental en su contra.

En septiembre de 2001, un jurado popular fue el encargado de declarar culpable a la presunta homicida. Dos años más tarde tuvo que ser excarcelada tras descubrirse al verdadero asesino: Tony Alexander King. Una irrefutable prueba de ADN ligó este crimen con el de la joven Sonia Carabantes en agosto de 2003.

En la escena del crimen de este último hecho se detectó un perfil genético de varón que coincidía con otro perfil de un filtro de cigarrillo hallado hacía cuatro años junto al cadáver de Rocío, cuyo perfil genético resultó idéntico al de Tony Alexander. Cuando las autoridades investigaron ambos casos, encontraron el mismo modus operandi: un ensañamiento innecesario con sus víctimas, a las que acuchilló hasta en diez ocasiones. En el 2006 Tony Alexander King fue

condenado por un jurado a 36 años por asesinar a una y 19 por la otra. (Wikipedia, 2019).

¿Dónde podemos detectar ADN?

Dada la facilidad con la que puede transmitirse, su ADN puede estar presente en una habitación, aunque se no haya entrado en ella. Si se encuentra su ADN en un lugar puede estar allí por varios motivos:

a) Ha visitado el lugar.

b) Ha tocado un objeto que después otra persona transportó a esa ubicación.

c) Se ha encontrado con una persona, quien justo después tocó algo en el lugar y dejó por accidente el ADN de usted allí.

El ADN está en todos lados. A medida que aumenta la sensibilidad de las técnicas forenses de ADN, existe una mayor probabilidad de que el ADN recuperado del lugar del delito proceda en realidad de una de estas opciones:

- ADN de fondo: depositado antes de que se produjera el delito y, por tanto, no relacionado con él.
- ADN de transferencia secundaria: ADN de alguien que nunca ha estado en el lugar del delito, pero cuyo ADN ha sido transferido allí mediante el contacto con otra persona.
- El resultado de una contaminación provocada por el investigador después de que se produjera el delito.

Una de las formas por las que liberamos ADN en nuestro entorno es mediante el procedimiento de células de la piel en la ropa y las superficies que tocamos. Sin embargo, no todos lo hacemos con la misma frecuencia. Las personas que se desprenden de muchas células de la piel, se denomina trasmisores de nivel alto y son más propensas a depositar ADN. Por el contrario, el trasmisor de nivel bajo es menos propenso a depositarlo. (Kamphausen, Schadendorf, & Poetsch, 2012)

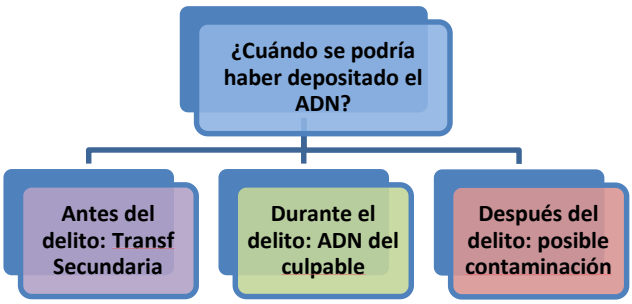

Figura 2.

Fuente: Elaborado por la autora.

Después del delito, la posible contaminación puede deberse: al descubrimiento, llegada de los investigadores y toma de muestra y análisis en el laboratorio.

¿Por qué el contexto es esencial?

La presencia de ADN no indica necesariamente cuándo o cómo llegó el ADN a ese lugar. No obstante, puede resultar una herramienta increíblemente útil para las investigaciones policiales. Lo que importa es el contexto.

Algunos tipos de pruebas de ADN tienen menos probabilidades que otras de haber sido depositadas de forma inocente. Por ejemplo, una mancha visible de sangre no se transfiere fácilmente sin que nadie se percate como ocurre con los restos invisibles de saliva o las células de la piel (Interpretando la Genética Forense, 2019).

Preguntas tales como: ¿Cuándo y cómo se depositó el ADN en las superficies analizadas? ¿Cómo recogieron el ADN los investigadores del lugar del delito?, son fundamentales para determinar si el ADN es relevante para una investigación o si se trata de ADN de fondo, o es el resultado de una transferencia secundaria o de contaminación. Asimismo, existen otros tipos de pruebas que pueden ofrecer más información sobre el contexto, como fibras, marcas de calzado o huellas dactilares (Interpretando la Genética Forense, 2019).

Si en el lugar del delito se encuentra una muestra visible y de gran tamaño de un fluido corporal, como una mancha de sangre, resulta sencillo obtener ADN. Si, además, esa sangre se encontrara en vidrios de una ventana hecha añicos, es muy probable que sea relevante para la investigación. El sospechoso podría haberse cortado mientras asaltaba la propiedad, por ejemplo. Dicho de otro modo, las pruebas se consideran relevantes porque están directamente asociadas a la actividad del delito, en este caso, la rotura de la ventana. Comparamos esto con un perfil de ADN extraído de una superficie, como una mesa de la cocina, donde no haya ningún fluido corporal identificable. Resulta más difícil proponer una actividad que pueda explicar su presencia debido a la falta de contexto (Interpretando la Genética Forense, 2019). Por lo tanto, aunque el ADN es una importante herramienta de detección, por sí solo no resuelve delitos.

Lo acontecido a Rafael Ricardi es un ejemplo de lo expresado. Pasó una vida de penurias marcada por la drogadicción y la pobreza, durmiendo muchas noches en la calle. Su vida empeoró cuando en 1995 fue acusado de violar a una joven de 18 años, que más tarde se demostró que no cometió. En 2014 falleció a los 54 años en su casa, tras haber pasado 13 años encerrado en prisión.

Su condición de «vagabundo» fue fundamental para que le incriminaran por el delito. La Policía lo encontró durmiendo bajo un puente y la víctima lo identificó como el supuesto agresor, pese a que lo negara todo.

A raíz de su detención comenzó una cadena de errores. Un informe del Instituto Nacional de Toxicología de Sevilla sobre restos de semen detectó algunos de genes que coincidían con los de Rafael.

La Policía esperaba que con su encarcelamiento se terminara la oleada de violaciones en la zona, pero no fue así. Continuaron y una inspectora, Raquel Díaz, se puso al cargo de la investigación. En el año 2000 mejoraron las técnicas en los estudios forenses y determinaron que el semen no pertenecía a Rafael, pero la Audiencia no cambió su pena porque consideraba fundamental la declaración de la víctima.

El hombre tuvo que esperar hasta 2007 para que fuera detenido el verdadero autor de la violación, un hombre de 53 años, de baja estatura y con un defecto en la visión, similar al de Rafael. Fue arrestado por otra causa y, al extraerle el ADN, coincidió con el encontrado en cuatro violaciones, una de ellas, por la que Rafael había sido encarcelado. (Red Inocente, 2019)

¿Para qué sirven las bases de datos de ADN?

De especial importancia son las bases de datos de ADN con fines de investigación criminal, en las que los perfiles de ADN anónimos obtenidos de vestigios biológicos de la escena del delito pueden ser comparados de forma sistemática entre sí, así como con los obtenidos de individuos que son sospechosos o condenados en una causa penal, ofreciendo una herramienta muy eficaz de identificación humana con una alta potencialidad para reducir el índice de criminalidad de determinados delitos sin autor conocido y, especialmente, aquellos en los que existe una alta reincidencia (Alonso, 2011).

La utilización de estas bases de datos cobra también una vital importancia en los procesos de identificación de desaparecidos en conflictos bélicos o en grandes catástrofes que afectan a un gran número de víctimas cuyo estado de conservación puede limitar, o incluso imposibilitar, la identificación de los cuerpos por los métodos forenses convencionales.[4] Los perfiles genéticos obtenidos pueden ser comparados de forma sistemática con un índice de perfiles de referencia de familiares (saliva o sangre), u obtenidos de muestras ante-mortem de las víctimas, cepillos de dientes, peines, entre otros (Alonso, 2011).

Mantener una base de datos de ADN forense conlleva unas ventajas evidentes y algunas personas creen que deben contener información de todos los habitantes de un país. Otras, sin embargo, expresan inquietudes sobre la privacidad, la seguridad de los datos y la imparcialidad. Las preguntas sobre qué perfiles de ADN se deben guardar en estas, durante cuánto tiempo, con qué finalidad, quién debe poder acceder a estas y supervisarlas, continúan debatiéndose en innumerables países, sobre todo cuando aumenta el interés por compartir informaciones entre las naciones, porque cada base de datos posee distintos controles (Interpretando la Genética Forense, 2019).

Otra de las interrogantes es quién realiza la prueba. En España, por ejemplo, existen en la actualidad alrededor de 20 laboratorios

acreditados para la realización de análisis de ADN en el ámbito judicial. La mayoría son laboratorios públicos pertenecientes a diversas instituciones estatales (Comisaría General de Policía Científica, Servicio de Criminalística de la Guardia Civil, Instituto Nacional de Toxicología y Ciencias Forenses) o autonómico (Unidad de Policía Científica de la Ertzaintza y División de Policía Científica de los Mossos de Esquadra) (Alonso, 2011).

Todos estos laboratorios contribuyen mandando sus resultados a la Base de Datos Nacional de Perfiles de ADN, en la que en la actualidad hay alrededor de 200.000 perfiles genéticos registrados, y se utiliza el sistema informático CODIS del Departamento de Justicia de Estados Unidos[5] (Alonso, 2011).

Cuba no posee base de datos y tampoco cuenta con una regulación específica que norme el procedimiento para tomarle muestra a los sospechosos. La dispone el propio instructor de la investigación y si el acusado se niega, es obligado.

También preocupa que determinados grupos minoritarios estén representados de forma desproporcionada en dichas bases. Algunas personas sostienen que tales desigualdades podrían avivar la idea de que a ciertos grupos se les criminaliza o discrimina injustamente (Policy quality Statement for the National DNA Database, 2013).

Supongamos que se compara un perfil de ADN del lugar de un delito con la información de una base de datos nacional de ADN. Si se obtiene una coincidencia, ésta puede deberse a que se ha encontrado el ADN de esa persona en el lugar del delito, a que se ha producido contaminación o se trata de un falso positivo (una coincidencia fortuita con una persona que no participó en el delito). El siguiente paso consiste en evaluar estadísticamente el valor de la prueba de ADN para respaldar la hipótesis de que la muestra provenga de una persona específica.

Aunque las probabilidades de que coincidan dos perfiles completos de dos personas sin parentesco son ínfimas, los perfiles de ADN de los lugares de delitos no suelen ser perfectos, y es posible que no contengan información sobre cada marcador genético analizado, es decir, que se trate de un perfil parcial. Cuanto menor sea el número de marcadores genéticos que compongan el perfil, mayor será el riesgo de que se produzca una coincidencia errónea.

¿Cómo puede contribuir la búsqueda familiar al esclarecimiento de un hecho?

Si los investigadores no pueden relacionar un perfil de ADN del lugar del delito con el de alguien que figure en la base de datos u otra muestra obtenida, en ocasiones puede hacerse búsquedas de familiares. Esto se basa en el principio de que las personas sin parentesco tienen relativamente pocos alelos en común, mientras que las personas emparentadas tendrán más, por ejemplo, un padre y un hijo compartirán el 50 % de su ADN autosómico (Interpretando la Genética Forense, 2019).

Cuánto más distante sea el parentesco entre las personas, menos similar será su ADN. Esto

significa que, con el análisis de ADN habitual, la búsqueda familiar solo resulta útil para encontrar parientes cercanos. Suele generar muchas pistas falsas, por lo que los investigadores tienden a limitar el tamaño del grupo en el que realizan la búsqueda, por ejemplo, la confinan a una zona geográfica concreta (The Nuffield Council on Bioethics, 2020).

La búsqueda familiar suscita cuestiones de carácter ético, ya que nos arriesgamos a sospechar de algunos miembros de una familia que no tuvieron nada que ver con el delito. Sin embargo, en ocasiones puede proporcionar una pista a la investigación, por lo que su uso ha ayudado a resolver delitos.

Lo ocurrido en un paraje de las afuera de Campo de Criptana es un ejemplo de lo expresado. Se halló el cuerpo sin vida de Inmaculada Arteaga de 15 años de edad, el 18 de marzo de 2001. El cadáver apareció semidesnudo y con un grave traumatismo en la cara. Tres años después, ante la falta de pruebas, se solicitó un chequeo de las ropas de la víctima y se detectó en la camiseta restos de saliva de un varón. La comparación de dicho perfil de cromosoma Y con muestras de referencia de los varones del entorno de la víctima ofreció una coincidencia en 14 de las 15 regiones Y-STR analizadas con uno de los varones. Se consideró que podía existir una relación de parentesco a través de la línea paterna entre el varón cuyo ADN estaba presente en la ropa y el varón cuyo ADN coincidía en 14 coincidencia con el perfil obtenido. En el 2006, el laboratorio informó de la coincidencia de los perfiles obtenidos en la ropa de la víctima con los obtenidos a partir de uno de los varones del análisis masivo de cromosoma Y, y el sujeto fue detenido (Interpretando la Genética Forense, 2019).

¿Qué significa una coincidencia?

El ADN no ofrece una simple respuesta de «sí» o «no», sólo ofrecerá una probabilidad. Se considera que un perfil de ADN coincide si todos los alelos del perfil extraído de una mancha del lugar del delito son idénticos a los de la muestra con la que se está comparando. Se trata de una coincidencia entre muestras y no una coincidencia de una muestra con una persona concreta. Es posible que varias personas coincidan con el perfil de ADN del lugar del delito, a pesar de que ninguno de ellos lo haya depositado allí realmente (Interpretando la Genética Forense, 2019). Por lo que entre más loci coincidan, más certeza se tendrá.

El ADN no aporta respuesta sobre la culpabilidad o no del sospechoso, sino que nos permite evaluar probabilidades. Por tanto, las pruebas de ADN pueden ser muy sólida, muy débiles o todas las otras opciones posibles.

Nuestro ADN define en gran medida nuestro aspecto, pero los científicos no han hecho más que empezar a comprender cómo los genes individuales producen rasgos físicos como el color de los ojos o el cabello. El ADN no permite revelar el aspecto del rostro de un delincuente, no así la predicción de la ascendencia biogeográfica.[6]

Conclusiones

El ácido desoxirribonucleico, abreviado como ADN, es un ácido nucleico que contiene las instrucciones genéticas usadas en el desarrollo y funcionamiento de todos los organismos vivos y algunos virus, y es responsable de su transmisión hereditaria. La función principal de la molécula de ADN es el almacenamiento a largo plazo de información para construir otros componentes de las células, como las proteínas y las moléculas de ARN.

El ADN suele ayudar a identificar sospechosos cuando las demás líneas de investigación se encuentran estancadas. Contribuye también a esclarecer errores judiciales por los que se ha declarado culpable a personas inocentes e identificar los restos de víctimas de catástrofes y atrocidades masivas. Favorece la investigación biológica de la paternidad y otras relaciones de parentesco. Por tales motivos se ha convertido en una de las herramientas más precisas para la identificación de individuos y es utilizado por miles de laboratorios.

Puede ser indetectable o encontrarse en restos tan diminutos que dificulten su interpretación. Su análisis puede estar sujeto a errores y sesgos, si no se analiza en el contexto donde fueron hallados. Los perfiles de ADN se pueden interpretar de manera incorrecta, pues estos están expuestos a daños y alteraciones que de igual forman no brinden una conclusión precisa, por lo que debe corroborarse con otros medios probatorios, exagerándose su importancia como medio probatorio infalible.

Notas:

[1] El ADN del genoma de un organismo puede dividirse conceptualmente en dos: el que codifica las proteínas (los genes) y el que no codifica. En muchas especies, solo una pequeña fracción del genoma codifica proteínas. Por ejemplo, solo alrededor del 1,5 % del genoma humano consiste en exones que codifican proteínas (20 000 a 25 000 genes), mientras que más del 90 % consiste en ADN no codificante. (Wolfsberg, McEntyre, & Schuler, 2001)

El ADN no codificante, también denominado ADN basura o junk DNA, corresponde a secuencias del genoma que no generan una proteína, incluyendo los intrones. Hasta hace poco tiempo se pensaba que el ADN no codificante no tenía utilidad alguna, pero estudios recientes indican que eso es inexacto (The ENCODE Project Consortium , 2007).

[2] Los restos del comandante Ernesto Che Guevara y los guerrilleros que lucharon con él, traídos al país en julio de 1997, es un ejemplo. La búsqueda tardó cerca de 30 años, tiempo durante el cual se acumularon los testimonios de guerrilleros, militares y campesinos bolivianos, que desde diferentes ángulos vivieron los acontecimientos relacionados con su muerte y contribuyeron a ubicar el sitio donde se encontraban. Después, el gobierno se dio a la tarea de corroborar a quién pertenecían. (https://www.ecured.cu/Hallazgo_y_traslado_de_los_restos_del_Che_a_Cuba, 2020)

[3] El ADN puede además de lo expresado, resultar dañado por muchos tipos de mutágenos, que cambian la secuencia del ADN: agentes alquilantes, además de radiación electromagnética de alta energía, como luz ultravioleta y rayos X. El tipo de daño producido en el ADN depende del tipo de mutágeno. Por ejemplo, la luz UV puede dañar al ADN produciendo dímeros de timina, que se forman por ligamiento cruzado entre bases pirimidínicas. (Douki, Reynaud-Angelin, Cadet, & Sage, 2003).

Por otro lado, oxidantes tales como radicales libres o el peróxido de hidrógeno producen múltiples daños, incluyendo modificaciones de bases, sobre todo guanina, y roturas de doble hebra (Cadet, 1999). En una célula humana cualquiera, alrededor de 500 bases sufren daño oxidativo cada día.

[4] Así sucedió con el genocidio de Srebrenica, la peor matanza en Europa tras la Segunda Guerra Mundial. Bajo las órdenes de Ratko Mladic 8.000 hombres y niños fueron ejecutados en el verano de 1995, cuando después de casi tres años de asedio, el general serbobosnio ordenó el ataque final contra 40.000 civiles musulmanes de la ciudad, de los cuales la mitad eran refugiados de los alrededores en esta zona declarada "protegida por la ONU". La matanza ocurrió en apenas cinco días. Miles de hombres fueron ejecutados y sepultados en fosas colectivas, otro tanto fueron enterrados vivos. Se desconoce todavía hoy, a quienes pertenecen muchos de los restos hallados. (Genocidio-srebrenica-episodios-negros-historia_0_r1EcZQQxz.html, 2020)

[5] Combined DNA Index System (CoDIS) es la base de datos nacional de EEUU, creada y mantenida por el FBI. El CoDIS comprende tres niveles de información: sistemas de índice de ADN locales (LDIS) donde se originan los perfiles genéticos, sistemas de índice de ADN estatales (SDIS) que permite a los laboratorios de un mismo estado compartir información, y el sistema de índice de ADN nacional (NDIS) que permite a los estados comparar información entre ellos.

El software del CoDIS contiene diferentes bases de datos dependiendo del tipo de información a buscar, que incluyen personas desaparecidas, delincuentes y muestras forenses de escenas de delito. Cada estado, y el sistema federal, tiene diferentes leyes que regulan la recolección, subida y análisis de la información contenida en su base de datos. Sin embargo, por razones de privacidad, la base de datos CoDIS no contiene información personal identificativa, como el nombre asociado a cada perfil genético. (Federal Bureau of Investigation (FBI), 2019)

[6] El fenotipado de ADN es el proceso de predecir el fenotipo de un organismo usando únicamente información genética procedente de genotipado o secuenciación de ADN. Este término, también conocido como molecular *photofitting*, se usa principalmente para4rcx

Referencias:

Alonso, A. (Diciembre de 2011). *ADN Forense, invstigación criminal y búsqueda de desaparecidos*. Obtenido de http://dx.doi.org/10.18567/sebbmdiv RPC.2011.12.1.

Cadet, J. D. (1999). *Hydroxyl radicals and DNA base damage.*

Clayton, J., & Dennis, C. (2003). *50 Years of DNA.* Estados Unidos: Palgrave MacMillan Press.

Douki, T., Reynaud-Angelin, A., Cadet, J., & Sage, E. (2003). Bipyrimidine photoproducts rather than oxidative lesions are the main type of DNA damage involved in the genotoxic effect of solar UVA radiation. *Biochemistry*, *42*(30), 9221-9226.

Federal Bureau of Investigation (FBI). (diciembre de 2019). *https://www.fbi.gov/services/laboratory/biometric-analysis/codis*.

Ferrer, S. (2011). El verdadero sentido de la vida. 119-127.

Informe sobre las circunstancias de una denuncia recibida por parte de la Policía del Gran Mánchester el 7 de marzo de 2012 sobre

prueba de ADN proporcionada por LGC Forensics. (enero de 2019). Obtenido de www.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/118941.

Interpretando la Genética Forense. (2019). Reino Unido: EUROFORGEN, SENSE about SCIENCE.

Kamphausen, T., Schadendorf, D., & Poetsch, M. (2012). Good shedder or bad shedder - the influence of skin diseases on forensic DNA analysis from ephitelial abrasion. *Interntional Journal of Legal Medicine*(126), 179-183.

Lam, V., Tokusumi, T., Tokusomi, Y., & Schulz, R. (2014). bantam miRNA is important for Drosophila blood cell homeostasis and a regulator of proliferation in the hematopoietic progenitor niche. *Biochem Biophys Res Commun.*, *453*(3), 467-472.

Policy quality Statement for the National DNA Database. (Septiembre de 2013). *www.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/245240/*.

Red Inocente. (enero de 2019). *http://redinocente.org/2016/05/rafael-ricardi-robles-12-anos-preso-por-una-violacion-que-no-cometio*.

The ENCODE Project Consortium . (2007). Identification and analysis of functional elements in 1% of the human genome by the ENCODE pilot project.

The Nuffield Council on Bioethics. (Enero de 2020). *Familial Searching, inferring ethnicity and research uses*. Obtenido de http://nuffieldbioethics.org/wp-content/uploads/bioinformation-chapter-6-familial.

Tian, C., Gregersen, P. K., & Seldin, M. F. (2008). *Accounting for ancestry: population substructure and genome-wide association studi.*

Welch LA., G. P. (2012). *European Network of forensic Science Institutes (ENFSI).*

Wienroth, M., Morling, N., & William, R. (2014). *Technological Innovations in Forensic Genetics: Social, Legal and Ethical Aspects. Recent Advances in DNA and Gene Sequences.*

Wikipedia. (enero de 2019).

Wolfsberg, T., McEntyre, J., & Schuler, G. (2001). Guide to the draft human genom. *Nature, 409*(6822), 824-826.

Conflicto de intereses:

La autora declara que no existen conflictos de intereses.

Fecha de enviado: 15/4/2020

Fecha de aceptado: 23/4/2020