



COMILLAS
UNIVERSIDAD PONTIFICIA

ICAI

ICADE

CIHS

FACULTAD DE CIENCIAS HUMANAS Y
SOCIALES

**El ADN en la Criminología: Utilidad, problemas ético-
jurídicos y su empleo en casos de personas
desaparecidas y grandes catástrofes.**

Autor/a: M^a Belén Marcos Rubio

Director/a: Lorenza Coppola Bove

Madrid

2020/2021

Índice

Resumen	2
Abstract.....	2
Introducción Al ADN Y La Genética Forense	3
Metodología.....	7
El ADN Y La Identificación.....	8
Legislación Y Ética	12
Bases De Datos.....	15
Evaluación Crítica Del ADN.....	18
Personas Desaparecidas Y Grandes Catástrofes.....	19
Programa Fénix.....	21
Discusión Y Conclusiones.....	23
Referencias	27

Resumen

El ADN contiene nuestra información genética, la cual es universal (es igual en casi todas nuestras células), diversa (es diferente entre personas, excepto en gemelos idénticos) y estable. Esto le confiere un valor identificativo al genoma humano del cual se aprovecha la Genética Forense. Gracias a esto, la resolución de casos jurídicos ha sufrido una revolución debido a los avances de la ciencia. Se deben tener en cuenta distintos aspectos del ADN: los tipos de ADN (nuclear y mitocondrial), sus características y posibilidades. También se debe considerar el estado de la muestra que encontramos y de qué tejido humano se ha obtenido (sangre, pelo, semen, saliva, etcétera), para poder hacer un correcto análisis de la misma. Asimismo, es necesario llevar a cabo una correcta manipulación de las evidencias y asegurar que se cumplen con los protocolos de protección de la cadena de custodia. Esto se encuentra regulado en nuestra legislación, tanto nacional como europea, para evitar que se cometan irregularidades o que se vulneren los derechos de los individuos con los que pueda entrar en conflicto la utilización de su ADN. Además, las leyes también amparan la creación y el uso de bases de datos genéticos, las cuales se han revelado útiles para la resolución de acontecimientos más complejos. Se pueden aplicar a casos de personas desaparecidas y grandes catástrofes, donde la tarea identificativa de los restos puede complicarse debido a la degradación de las muestras o a su dificultad de acceso. En este contexto se creó en España el Programa Fénix que trata de comparar muestras inidentificadas con las de sus familiares indubitados, con el objetivo de identificarlas de forma más sencilla y automatizada.

Palabras clave: ADN, Genética forense, ética, jurisdicción, identificación, bases de datos, Programa Fénix.

Abstract

DNA contains our genetic information, which is universal (it is the same in almost all our cells), diverse (variation is common among people, except for identical twins), and stable. This gives an identifying value to the human genome that is used by Forensic Genetics. Its efficiency has lead science through a revolution in the resolution of forensic cases, considering different types of DNA (nuclear and mitochondrial), their characteristics and different possibilities. It is also important to consider the samples preservation state and its original substrate (blood, hair, semen, saliva, etc.) to make a

correct a analysis. Likewise, proper handling of evidence must be carried out, following chain of custody protection protocols. DNA samples management is regulated in both national and European legislation to prevent irregularities and individual rights violations because the use of DNA with legal purposes can be in conflict with those rights. In addition, law also protect the creation and use of genetic databases, which have been successful in many forensic cases. When a person goes missing or major catastrophes happen, victims identification can be challenging due to the degradation of the samples or the difficult access to them. In this context, the Fénix Program, which was created in Spain, aims to compare unidentified samples with those of their potential relatives in order to identify them in a simpler and more automated way.

Keywords: DNA, Genetic forensics, identification, genetic databases, Fénix Program.

Introducción Al ADN Y La Genética Forense

El ácido desoxirribonucleico o, más conocido por sus siglas, ADN o DNA es el “biopolímero cuyas unidades son desoxirribonucleótidos y que constituye el material genético de las células y contiene en su secuencia la información para la síntesis de proteínas” (Real Academia Española, 2014). Su estructura está formada por una hélice de doble cadena compuesta por unidades química repetidas llamadas nucleótidos. Estos a su vez están constituidos por un azúcar, un fosfato y una base nitrogenada; la cual es el componente principal y puede ser de cuatro tipos: A (adenina), C (citosina), G (guanina) o T (timina). El orden o secuencia en el que estas bases, y por tanto los distintos nucleótidos, se disponen a lo largo de la cadena de ADN determina la información genética de cada individuo (Alonso, 2004; Estrada Camacho, 2015).

El contenido total de ADN se denomina genoma humano, que contiene el conjunto de instrucciones necesarias para la síntesis de proteínas que componen nuestras células, tejidos y órganos, al que llamamos código genético (Alonso, 2004).

La información genética de las células humanas se divide en dos genomas diferentes: el genoma nuclear, cuya herencia se recibe de ambos progenitores, y el genoma mitocondrial que únicamente se transmite por vía materna.

El genoma nuclear se encuentra en el núcleo celular, compone la mayor parte del contenido del ADN de la célula y está asociado con ciertas proteínas con las que forma

unas estructuras denominadas cromosomas. El ser humano tiene 23 pares de cromosomas, es decir, 46 en total; salvo en nuestras células reproductoras, las cuales contienen 23 cromosomas (Alonso, 2004). Es decir, que cada célula cuenta con dos copias del genoma nuclear, una materna y una paterna, a excepción de los óvulos y los espermatozoides que solo contienen una, y los glóbulos rojos de la sangre que no tienen núcleo (Comité Internacional de la Cruz Roja (CICR), 2009). Un gen es un segmento de ADN que posee la información necesaria para sintetizar una proteína. De manera estimada se sabe que la cantidad de genes humanos es de 30.000, aunque esta es una pequeña parte del ADN total de cada célula. El resto mayoritario del genoma nuclear contiene gran cantidad de secuencias de ADN repetitivo denominadas “ADN no codificante” (Alonso, 2004), al que se le llama “chatarra” (Bayón López, 2014) y del que no se sabe claramente su función (Alonso, 2004). Aunque sí se sabe que no participa en la creación de elementos importantes para la vida celular, por lo que no proporciona información sensible y personal sobre el individuo (Martínez de Pancorbo et al., 1998). Se trata de una parte del ADN con considerables diferencias entre individuos de una población en cuanto a su tamaño, lo que supone el fragmento genético de mayor importancia para las ciencias forenses, específicamente las llamadas regiones de ADN microsatélite o STRs (*Short Tandem Repeats*). Un perfil genético es el patrón de estas regiones ordenadas según su tamaño, lo que se convierte en un código numérico sencillo de guardar, manipular y comparar con otro, el cual conserva el anonimato del individuo al que pertenece pero también sirve para diferenciarlo de otros (Alonso, 2004).

El ADN mitocondrial o ADNmt tiene herencia materna porque son los óvulos quienes transmiten las mitocondrias que contienen dicha información genética, y no el espermatozoide. Este genoma posee una gran sensibilidad, ya que presenta un considerable número de copias, superando a las del genoma nuclear. Esto hace útil la información mitocondrial cuando no es posible la obtención o análisis del ADN nuclear (Alonso, 2004). Además, aumenta la probabilidad de que ciertas copias se mantengan intactas con el paso de tiempo sin verse afectada su información (Cano Fernández y Arce Antón, 2011). Es por esto que el ADNmt es importante en la Genética forense para el análisis de muestras degradadas y de pelos y cabellos (Angel Carracedo, 2013). Sin embargo, y a pesar de su gran variabilidad genética, este genoma es mucho menos variable que el nuclear porque la herencia permanece intacta y, por tanto, su poder discriminatorio es mucho más limitado. No obstante, nos permite descartar individuos

que no compartan secuencia de ADNmt en una investigación criminalística (Cano Fernández y Arce Antón, 2011) y averiguar linajes maternos (Alonso, 2004). Esto resulta útil para identificar cadáveres a partir de muestras de familiares con la misma vía materna (Cano Fernández y Arce Antón, 2011), incluso en casos en los que solo se puede partir de restos óseos (Angel Carracedo, 2013).

Además del ADNmt, hay otra parte del genoma cuyo estudio permite trazar linajes, aunque en esta ocasión paternos, ya que se trata del cromosoma Y. Dicho cromosoma es transmitido exclusivamente por vía paterna a los varones descendientes y de manera prácticamente intacta (Alonso, 2004) porque no se recombina durante la meiosis y solo podría variar mediante mutaciones (Angel Carracedo, 2013). Por ello su análisis resulta de interés en la identificación de un varón mediante la obtención del patrón genético específico del individuo. Por ejemplo, en casos de delitos contra la libertad sexual, se pueden comparar las trazas biológicas encontradas con dicho patrón. No obstante, el ADN del cromosoma Y tiene una capacidad de discriminación menor que la que se obtiene de las regiones STR (Alonso, 2004), ya que posee una baja diversidad (Angel Carracedo, 2013). Además, no es posible distinguir a miembros de una familia con la misma herencia paterna, ya que comparten la misma información genética (Alonso, 2004). Sin embargo, sí podrían obtenerse datos acerca del posible origen geográfico de una muestra (Angel Carracedo, 2013).

El genoma cumple con tres principios básicos: universalidad, diversidad y estabilidad.

- La universalidad responde al hecho de que todas las células de nuestro cuerpo (a excepción de las células sexuales, que tienen la mitad de la información genética) tienen el mismo perfil genético. Esto permite analizar genéticamente una muestra dubitada, que normalmente se extrae de la escena de un crimen (Alonso, 2004) y es de procedencia desconocida (Estrada Camacho, 2015), y compararla con una muestra indubitada (Alonso, 2004), la cual sabemos a quién pertenece (Estrada Camacho, 2015).
- La diversidad hace referencia a que, aunque las células de cada persona son morfológicamente idénticas entre ellas, el código genético tiene variaciones en diferentes individuos; lo que resulta muy útil para fines identificativos (Alonso, 2004). Aquí el azar o la herencia no controlada (producida por mutaciones y

recombinaciones) también influyen en la amplia variabilidad de la información genética (Cano Fernández y Arce Antón, 2011).

- Por último, el ADN conserva una gran estabilidad en condiciones normales, lo que puede servir para las investigaciones de carácter forense (Alonso, 2004). Sin embargo, cuando los restos biológicos abandonan las circunstancias controladas del organismo, se ven sujetos a condiciones adversas medioambientales, de temperatura y humedad, exposición a sustancias químicas o microorganismos, lo que puede ocasionar su degradación o acelerar los procesos de descomposición celular y, por ende, la limitación en cuanto a su utilidad analítica y de comparación (Cano Fernández y Arce Antón, 2011).

Teniendo en cuenta todo esto, se puede afirmar que puede haber una compenetración entre justicia y ciencia, y el perfecto ejemplo de ello es la existencia de la Genética forense (Vives-Rego, 2016). “La Genética forense es la aplicación de las técnicas de identificación de individuos basada en marcadores moleculares para resolver temas legales”. Su origen se remonta al año 1900 cuando Landsteiner descubrió los grupos sanguíneo ABO de los humanos (Mestres Naval y Vives-Rego, 2012, p. 2). Pero esto tenía una dificultad ya que, al trabajar con grupos sanguíneos y demás proteínas similares, hay que tomar medidas especiales porque se degradan fácilmente (Naval y Vives-rego, 2010).

Más tarde, en 1984, el genetista británico Alec Jeffreys y su equipo se dieron cuenta de la estabilidad que ofrece el ADN, en comparación con las proteínas, y de la extraordinaria variación de los microsatélites o STRs entre los individuos, a diferencia de los grupos sanguíneos (Angel Carracedo, 2013; Naval y Vives-rego, 2010). Debido a ello también descubrieron que los patrones genéticos son prácticamente específicos para cada persona, por lo que los denominaron *DNA fingerprint* (huella digital de ADN o huella genética, en español) (Carracedo, 2009). Dicho término se encuentra en desuso por posible confusión con la huella dactilar con la que no tiene relación (Mestres Naval y Vives-Rego, 2012). Sin embargo, gracias a esta “huella” se crean numerosas posibilidades científicas anteriormente inconcebibles, como la determinación de paternidad, la identificación de cadáveres y restos, o el estudios de compatibilidad para donaciones de órganos (Bayón López, 2014). Aunque el desarrollo de la Genética forense es relativamente nuevo, la introducción y aplicación del análisis de ADN sirve como herramienta para tratar evidencias e indicios biológicos que pueden resultar decisivos

para resolver casos criminales y de identificación (Cano Fernández y Arce Antón, 2011), o incluso para exonerar personas condenadas e inocentes (Bayón López, 2014).

La primera vez que se empleó la prueba de ADN para la resolución de un caso forense fue también en Inglaterra (Baeta y Martínez-Jarreta, 2009), específicamente se trató de un caso de inmigración (Bayón López, 2014).

A pesar de que los microsatélites o STRs están muy estandarizados, actualmente se están introduciendo los denominados miniSTRs que tienen menor tamaño y mayor utilidad práctica en Genética forense, sobre todo en la ampliación del ADN en muestras parcialmente degradadas (A. Carracedo et al., 2010). La utilización de estos miniSTRs permitirá aumentar notablemente la información genética almacenada en las bases de datos (Baeta y Martínez-Jarreta, 2009). Incluso gracias a otros marcadores nuevos, entre los cuales destacan los polimorfismos simples de un solo nucleótido o SNPs, se están solucionando casos de paternidad y criminalísticos que habrían sido difíciles de resolver con los métodos tradicionales (A. Carracedo et al., 2010).

Metodología

En este Trabajo de Fin de Grado se ha realizado una revisión bibliográfica sobre la Genética forense, la utilidad del ADN como prueba en la criminalística y en las investigaciones policiales; así como su regulación y legislación vigente a nivel nacional y europeo, las limitaciones éticas que ello conlleva, el establecimiento de bases de datos de material genético y las restricciones biológicas del ADN. Por último, se ha investigado concretamente la aplicación que tiene las pruebas de ADN en casos de personas desaparecidas y grandes catástrofes.

El principal objetivo de este trabajo es aunar y plasmar la potencialidad del ADN en la criminología en planos generales e ilustrarlo más concretamente en desapariciones y grandes sucesos catastróficos. Se ha abordado este tema para investigar y mostrar la relación entre el estudio del ADN con la creación de bancos de datos; los cuales son herramientas muy útiles de identificación a tener en cuenta en circunstancias en las que sea necesario averiguar la identidad de una persona. Y, aunque el método identificativo pueda entrar en conflicto con ciertos derechos de los individuos (como el derecho a la intimidad), la legislación se asegura de lidiar con dichos dilemas éticos y de evitar

interferencias en la privacidad de aquellos cuyo ADN es sometido a estudio. Esto se consigue gracias a que únicamente se observan regiones de la información genética que no contienen información sensible, pero que nos permite diferenciar personas entre sí. De igual manera, el trabajo quiere mostrar las limitaciones biológicas que tiene una muestra de ADN en ciertos casos forenses, ya que no es una prueba constantemente infalible, pudiendo sufrir alteraciones que pongan en peligro su conservación y, por tanto, no sea posible su empleo con finalidad identificativa. Sin embargo, el ADN es la prueba más fiable y aceptada judicialmente con dicha función, superando al clásico sistema basado en las huellas dactilares.

Con el propósito de la realización de este trabajo, se ha procedido a la búsqueda de literatura sobre dicha temática en distintas bases de datos, específicamente en *Academic Search Complete*, *OpenDissertations*, *E-Journals*, *PsycInfo*, *eBook Collection (EBSCOhost)*, *Psychology and Behavioral Sciences Collection*, *APA PsycInfo*, *Nature*, y *Mendeley*, entre otras.

Además, se ha obtenido información de otras fuentes como la Constitución Española, el Boletín Oficial del Estado (BOE) o el Código Penal.

Los resultados de estas búsquedas fueron un total de 30 documentos que fueron seleccionados para su lectura y análisis, tras lo que finalmente se emplearon 17 de ellos para conformar este trabajo. Adicionalmente, han sido incluidos con posterioridad 4 artículos referenciados en los anteriores.

El ADN Y La Identificación

La identificación humana siempre ha supuesto un reto en el ámbito criminal y forense. La criminalística trata principalmente de averiguar cómo se llevó a cabo un delito o crimen y quién lo cometió; es decir, averiguar su identidad (Cano Fernández y Arce Antón, 2011). No obstante, la aceptación y utilización de la huella genética como método de investigación forense tardó en producirse, ya que debía ser utilizado con cautela y no basar las condenas únicamente en el ADN, el cual necesitaba de una base legal que asegurase que se cumplen las suficientes garantías jurídicas para su utilización (Bayón López, 2014).

Así pues, en el contexto penal, la obtención de muestras de ADN se puede dar en dos momentos: la recogida en la escena del delito o en la víctima de ADN dubitado constitutivo de una prueba, y la obtención del ADN indubitado de las personas implicadas con el que se va a realizar la comparación (Alonso, 2004). Sin embargo, la identificación de una muestra no implica directamente la culpabilidad del individuo al que pertenece, sino que eso deberá ser determinado por la investigación posterior (Bayón López, 2014).

Dicha obtención y el posterior uso del ADN con fines identificativos podría asociarse a los mismos problemas legales y/o éticos que se plantean conforme al tratamiento de la huella dactilar, ya que ambos permiten conseguir dicho propósito. No obstante, el derecho a la intimidad se ve afectado de maneras distintas según la técnica empleada. Primeramente, porque el ADN da mucha más información de la meramente utilizada en la identificación, pudiendo accederse a todo el genoma de un individuo e incluso de su linaje. Por otro lado, una muestra biológica puede cobrar mayor relevancia que una huella sobre el grado de implicación en un delito (Alonso, 2004).

En un proceso penal se pueden realizar análisis genéticos comparativos de un indicio hallado con el perfil obtenido de una muestra de un sospechoso de culpabilidad. No obstante, en los casos de autor desconocido difícilmente puede llevarse a cabo este procedimiento. Por ello, en muchos países existen Bases de Datos de ADN con el objetivo de que sean de utilidad en las investigaciones criminales y con las que se puedan hacer comparaciones con perfiles genéticos automatizados (Alonso, 2004).

Las bases de datos son de gran utilidad en procesos de identificación de personas en situaciones donde haya un número elevado de víctimas y que, por alguna circunstancia, dicha identificación se vea dificultada; como por ejemplo en conflictos bélicos o en catástrofes. Esto permite que se compare sistemáticamente con muestras de familiares o incluso de las propias víctimas obtenidas antes del suceso (Alonso, 2004). Estos bancos de datos también pueden ser útiles para el almacenamiento preventivo de muestras de aquellas personas que tienen un mayor riesgo de fallecimiento y/o desaparición en circunstancias especiales o complicadas por su profesión o actividad, como los miembros de las fuerzas armadas (Ramallo Machín, 2015).

La tecnología utilizada sobre los estudios de ADN ofrece una alta fiabilidad y reproducibilidad, aunque también hay que tener en cuenta que tiene limitaciones relacionadas con las leyes de la genética. La contaminación biológica humana es una de

estas limitaciones. Además, pueden darse errores metodológicos o en la custodia de las pruebas que puedan afectar negativamente en el proceso de análisis (Alonso, 2004)

Las pruebas que se encuentran en la escena de un crimen pueden ser individualizadas; es decir, que se pueden relacionar con una fuente de origen específica de la que provienen. Esta identificación es posible gracias al azar que interviene en la herencia de información genética, lo que contribuye a la gran variabilidad del ADN y permite la identificación de una persona mediante una evidencia (Cano Fernández y Arce Antón, 2011). Las evidencias o pruebas dubitadas que se analizan con mayor frecuencia son: sangre (normalmente en forma de manchas), semen (también en manchas o exámenes vaginales de la víctima), saliva (en colillas de cigarro, sobres, chicles), pelos, uñas, restos óseos, dientes y tejidos blandos (Estrada Camacho, 2015). De estas pruebas se puede extraer una muestra de ADN y aplicar técnicas de individualización para averiguar de forma certera la identidad de un individuo; con excepción de gemelos univitelinos porque comparten la misma información genética (Bayón López, 2014).

En casos en los que las muestras están muy degradadas podemos aplicar métodos de análisis que son capaces de obtener perfiles genéticos a partir de ellas, como podría ocurrir en condiciones de catástrofes o restos antiguos (Cano Fernández y Arce Antón, 2011)

Es de vital importancia trabajar con protocolos para evitar de forma preventiva que se puedan mezclar pruebas de un estudio criminalístico y, por tanto, queden contaminadas, pudiendo invalidar los resultados que obtengamos de su análisis (Cano Fernández y Arce Antón, 2011).

Los indicios biológicos adecuados para los análisis se pueden clasificar en función de la cantidad relativa de ADN. Así encontramos en la “Categoría I” fuentes de gran cantidad de material genético como son restos de tejido o semen. En la “Categoría II” encontraríamos la sangre, ya que el ADN se encuentra en el núcleo de los glóbulos blancos cuya proporción en relación con los glóbulos rojos (carentes de núcleo y, por tanto, de información genética) es mucho menor y, en consecuencia, la cantidad de ADN también lo es. La saliva y objetos que hayan estado en contacto con la nariz y la boca se localizan en la “Categoría III” debido a que, aunque son una magnífica fuente de ADN, normalmente la cantidad que se obtiene o se transfiere es considerablemente pequeña. Y por último la “Categoría VI” engloba aquellas trazas de ADN o restos celulares que deben

ser analizados en relación con otras fuentes de ADN (Cano Fernández y Arce Antón, 2011).

Puede darse la circunstancia de que el mismo objeto tenga evidencias de categorías y fuentes de ADN diferentes. Por ello se debe cuidar la división de dichas muestras para obtener un perfil genético sin enmascaramientos (Cano Fernández y Arce Antón, 2011).

Incluso se puede dar la posibilidad de que exista una mezcla de perfiles de ADN, lo que complica la interpretación del análisis de ADN. Aunque esta es una práctica bastante rutinaria en la Genética forense porque sucede en numerosas ocasiones (Angel Carracedo, 2013).

Antes de realizar los análisis de ADN, se deben llevar a cabo acciones previas en relación con las evidencias: su búsqueda y localización en el lugar del crimen durante la inspección ocular, y los llamados procedimientos o pruebas preliminares, consistentes en la detección y extracción de muestras de indicios biológicos en las evidencias en el laboratorio (Cano Fernández y Arce Antón, 2011) con el fin de determinar su naturaleza y el organismo del que proceden (Estrada Camacho, 2015). Para ello se pueden utilizar la iluminación forense o distintos reactivos químicos que faciliten dicho propósito, ya que el procedimiento de obtención de ADN es distinto en función del tipo de sustancia (Cano Fernández y Arce Antón, 2011). Cuando ya se ha aislado el ADN se evalúa su estado y cantidad. Posteriormente se somete a un proceso de amplificación empleando diferentes temperaturas y compuestos químicos de forma sucesiva, con el fin de multiplicar la muestra original (Bayón López, 2014). También dicha amplificación se puede realizar copiando numerosas veces el fragmento de ADN concreto que va a ser sometido a estudio mediante el proceso denominado PCR (siglas de *polymerase chain reaction*) (Estrada Camacho, 2015), ideado por Kary B. Mullis en 1989 (Álvarez-Cubero et al., 2010). Las actuales técnicas consiguen que a partir de unas muestras pequeñas con pocas copias de ADN se puedan obtener perfiles analizables (Angel Carracedo, 2013).

Tras trabajar con el ADN se deben analizar los resultados e interpretarlos. En el caso de que se disponga de una muestra indubitada con la que comparar la dubitada, puede darse dos escenarios: que haya coincidencia/compatibilidad de muestras o que no la haya. Se emplean los términos coincidente o compatible dependiendo del ámbito al que se hace referencia. Cuando son coincidentes (ámbitos criminalístico) o compatibles (pruebas de

paternidad), antes de asegurar que pertenecen ambas muestras al mismo individuo, hay que descartar que se pueda haber producido por azar. Para ello se analiza la frecuencia de los marcadores estudiados en la población general. En las ocasiones en que esto no sucede, la valoración estadística no es necesaria. Sin embargo, cabe otra posibilidad que consiste en introducir el perfil genético en las bases de datos policiales, incluso cuando no se posee una muestra indubitada con la que comparar. Esto es útil en casos reincidentes o sin resolver (Estrada Camacho, 2015).

Legislación Y Ética

“La información personal que aporta la huella genética y la necesidad de extraerla del propio sujeto, en algunos casos sin su consentimiento, incide en los derechos fundamentales de este, concretamente en el derecho a la privacidad de datos personales, en el primer caso, y en la esfera de la integridad corporal, en el segundo” (Bayón López, 2014, p. 15).

Por esta razón, existen personas contrarias que se oponen a la instauración de las pruebas de ADN y los bancos de datos, a pesar de que estos hayan demostrado ser de gran utilidad para la sociedad, siendo un método muy eficaz a nivel policial e identificativo y que promueve una mayor percepción pública de seguridad. Estos detractores argumentan que se vulneran los derechos fundamentales de los individuos contemplados de la Constitución Española: “derecho a la integridad física y moral (art. 15), a la intimidad personal y libertad (art. 18), a no declarar contra sí mismo (art 17.3), a la dignidad de la persona (art. 10.1), a la libertad de movimientos (art. 17.1), y a la presunción de inocencia (art. 24)” (Baeta y Martínez-Jarreta, 2009, p. 5). También mencionan la posible vulneración de bienes jurídicos individuales cuando las muestras que van a ser objeto de análisis son obtenidas de objetos personales. No obstante, el derecho más comentado al respecto es el derecho fundamental a la intimidad, debido al hecho de que el ADN pudiese revelar información fenotípica o física de la persona, así como la predisposición genética a ciertas enfermedades. Sin embargo, esta invasión de la intimidad no sucede porque se restringe el análisis forense del material biológico obtenido a las partes no codificantes del mismo, obteniendo así únicamente los datos esenciales para la actividad policial y forense sin que el derecho a la intimidad se vea afectado (Baeta y Martínez-Jarreta, 2009).

En esta línea existe el Convenio del Consejo de Europa, aprobado el 4 de abril de 1996 y ratificado por España el 23 de julio de 1999, el cual se creó para proteger los derechos humanos y la dignidad de las personas. Supone un compromiso de los Estados que lo firman a tomar las medidas necesarias para garantizar los derechos y libertades fundamentales de los seres humanos en lo relativo a aplicaciones de la medicina y la biología, procurando por su dignidad, intereses y bienestar (Ramallo Machín, 2015).

La Genética forense posee un doble cometido, ayudar a las investigaciones criminológicas mediante la identificación de delincuentes, pero también pone de manifiesto errores de la Administración de Justicia favoreciendo su evolución y mejora. Por tanto, los profesionales de la misma deben de garantizar que los métodos utilizados están al máximo nivel posible (Mestres Naval y Vives-Rego, 2012).

Como se ha comentado, las muestras de ADN se pueden obtener de dos formas diferenciadas: la recogida de evidencias en la escena del crimen o de la víctima (muestra dubitada) y la obtención de una muestra de referencia de un sospechoso (muestra indubitada). Ambas se encuentran reguladas en la Ley de Enjuiciamiento Criminal, en los artículos 326.3 y 363.2 respectivamente (Cabezudo Bajo, 2012), la cual fue modificada por la Ley Orgánica 15/2003 para dar cobertura legal a la toma de dichas muestras (Bayón López, 2014).

Para que una prueba de ADN sea considerada prueba pericial fiable debe de ser obtenida con los procesos científicos y tecnológicos adecuados y más rigurosos, y de manera lícita, respetando los derechos fundamentales del individuo. Esto implica que debe de garantizarse la integridad de la muestra, asegurándose de que se obtiene, conserva, traslada y recibe en el laboratorio correctamente. Así mismo, los derechos como el derecho a la intimidad, el derecho a la integridad física o incluso el de la inviolabilidad del domicilio, entre otros, no se ven afectados y, por tanto, se cumplen con todas las garantías legales necesarias (Cabezudo Bajo, 2012).

Sin embargo, existe una falta de previsión protocolaria de actuación para acreditar que se lleva a cabo la obtención de muestras con la fiabilidad exigida que asegure la preservación de la integridad de la muestra. Además, hay una falta de regulación a nivel europeo para el trato de muestras de ADN de forma transfronteriza (Cabezudo Bajo, 2012).

Las muestras deben ser recogidas por personal cualificado, para evitar posibles contaminaciones que alteren su composición y resultado del análisis. Deben cumplirse unos protocolos para su recogida, traslado (cadena de custodia) y manipulación en el laboratorio, los cuales han sido establecidos internacionalmente. Su consecución favorece la mantención de la integridad y fiabilidad de la evidencia (Cabezudo Bajo, 2012)

Como ya se ha señalado, no solo hay que tener en cuenta la obtención de muestras, sino también el posterior análisis al que va a ser sometido el perfil de ADN, lo cual va a permitir obtener un código que sea capaz de identificar un individuo. Al igual que el primer paso de la Genética forense, para el análisis también debe procederse tratando de garantizar la mayor fiabilidad posible. Este es un aspecto que también tienen regulado las legislaciones española y europea. Concretamente a nivel nacional se recoge en los artículos 4 y 5 de la LO 10/2007, además del Real Decreto 1977/2008, de 28 de noviembre, por el que se regula la composición y funciones de la Comisión Nacional para el uso forense del ADN (RD CNUFADN). En cuanto a la Unión Europea, contamos como la Decisión 2008/615, de 23 de junio de 2008 (art. 2.2); la Decisión 2008/616 (art. 2. c) y su anexo); y la Decisión marco 2009/905/JAI, de 30 de noviembre¹ (Cabezudo Bajo, 2012).

La legislación debe delimitar que parte de la secuencia genética va a ser analizada, si exclusivamente la no codificante del ADN o también la codificante; con el fin de evitar que con su análisis se vulneren derechos de los individuos como el derecho de intimidad o el de protección de datos personales. Esto se encuentra regulado en el artículo 4 de la Ley Orgánica 10/2007, que indica que solo deben analizarse y, por tanto, inscribirse en la base de datos aquellos identificadores de ADN que revelen exclusivamente información relevante a la identidad y el sexo de la persona. Este artículo no impide expresamente el análisis de la parte codificante del material genético; sin embargo, el

¹ “Sobre acreditación de prestadores de servicios forenses que llevan a cabo actividades de laboratorio, que exige que las actividades de laboratorio llevadas a cabo por los prestadores de servicios forenses se acrediten por un organismo de acreditación nacional que certifique que tales actividades cumplen la norma EN ISO/IEC 17025; Resolución del Consejo de 30 de noviembre de 2009, relativa al intercambio de resultados de análisis de ADN, que invita a los Estados miembros, de un lado, a que utilicen 12 marcadores o “loci” de ADN que componen el actual conjunto europeo normalizado de “loci” (ESS), y, de otro, a que obtengan los resultados del análisis ESS de acuerdo a técnicas de ADN ensayadas y aprobadas científicamente que se basen en los estudios llevados a cabo en el ámbito del Grupo “ADN” de la ENFSI. La ampliación del número de marcadores a 12, es debido a que el valor estadístico de los datos de ADN corresponde a la probabilidad aleatoria de coincidencia y depende completamente del número de marcadores de ADN analizados fiablemente.” (Cabezudo Bajo, 2012)

preámbulo de la ley antes mencionada sí lo hace. Además, la Unión Europea indica de manera explícita que los “índices de referencia contendrán exclusivamente perfiles de ADN obtenidos a partir de la parte no codificante del ADN y un número de referencia” en el artículo 2.2 de la Decisión 2008/615, de 23 de junio de 2008 (Cabezudo Bajo, 2012, p. 14).

En lo que respecta a lo ético en el ámbito de la Genética forense hay que tener en consideración distintas situaciones. Una de ellas es si en casos de pruebas de paternidad se debe requerir el consentimiento de la madre cuando se trate de menores con la patria potestad compartida, y si esto se debe realizar de forma obligatoria o no. Esto es algo habitual en los laboratorios privados nacionales, a pesar de que el grueso de los comités de bioética está en contra. También la tendencia de algunos países de acrecentar sus bases de datos extralimitando sus funciones, como almacenar perfiles de menores, sospechosos absueltos o incluso personas ya fallecidas, hace que se cuestione la seguridad y libertad que se supone que garantizan (A. Carracedo et al., 2010)

Bases De Datos

“Las bases de datos de identificación genética contienen números y letras asociados al código de identificación de una persona. Su acceso a los datos debe de estar perfectamente controlado, y las conclusiones que se pueden obtener de los mismos van a depender de los programas informáticos que se autoricen por las diferentes legislaciones” (Álvarez-Cubero et al., 2010, p. 6). Estas bases de datos de ADN pueden identificar personas desaparecidas o víctimas de un accidente, catástrofe o acto terrorista; también para determinar filiaciones o para averiguar el autor de un hecho delictivo (Curiel, 2008).

El primer país que estableció una legislación para una base de datos de ADN fue el Reino Unido en 1995, seguido de Estados Unidos de América y posteriormente por el resto de países, incluido España (Cabezudo Bajo, 2012).

En nuestro país teníamos varias bases de datos genéticos con propósitos de investigación, todas publicadas en el Boletín Oficial del Estado (BOE) y declaradas en la Agencia de Protección de Datos. Sin embargo, no había una legislación que contemplase una base de datos única y nacional que integrara las que ya existían: la de la Policía Nacional, de la Guardia Civil, del Instituto Nacional de Toxicología y Ciencias Forenses y de la Ertzaintza (Baeta y Martínez-Jarreta, 2009)

Por ello, en 1998, el Ministerio de Justicia había creado un grupo de trabajo compuesto por expertos españoles para la elaboración de una ley que tratase de resolver esta cuestión. Así se elaboró un borrador del Anteproyecto de Ley Reguladora de las Bases de Datos de ADN. Sin embargo, dicho anteproyecto no llegó pronto a término, ya que se continuaban discutiendo ciertos aspectos del mismo: la situación judicial de los sujetos, la edad, posibles derechos, utilización de la base, personal encargado, valor probatorio, tiempo de permanencia, titularidad, gestión, control, cesión e intercambios nacionales e internacionales, eficacia, funcionamiento, etcétera. No se produjo un avance significativo en este aspecto hasta que el atentado ocurrido el 11 de marzo en Madrid, también conocido como 11-M, obligó a acelerar el proceso (Curiel, 2008)

Posteriormente, y como ya se ha comentado, en 2003 se modificó la Ley Orgánica 10/1995 del Código Penal, introduciendo cambios en los artículos 326 y 363 de la Ley de Enjuiciamiento Criminal (Baeta y Martínez-Jarreta, 2009)

A pesar de haber realizado avances en la constitución de una base de datos genética oficial en nuestro país (Curiel, 2008), no fue hasta la creación de la Ley Orgánica 10/2007, de 8 de octubre, que la base policial de ADN se reguló (Cabezudo Bajo, 2012). Dicha ley pretende ser reguladora de la base de datos policial sobre identificadores obtenidos a partir del ADN que ampara la toma de muestras indubitadas en sede policial (Bayón López, 2014).

La Ley Orgánica 10/2007 fue desarrollada por el Real Decreto 1977/2008, de 28 de noviembre, que dicta la formación y funciones de la Comisión Nacional para el uso forense del ADN. Conforme a esta ley la Policía Científica puede realizar comparaciones de perfiles de ADN, así como participar en “el intercambio de la información de ADN con terceros países de acuerdo con los convenios internacionales ratificados por España y que estén vigentes (art. 7.3.a)”, con el propósito de conseguir una cooperación a nivel internacional (Cabezudo Bajo, 2012, p. 3)

A nivel de Unión Europea, en 2005 se aprobó el Tratado de Prüm a través de la Decisión 2008/615/JAI, de 23 de junio de 2008, que trata la profundidad de la colaboración transfronteriza, sobre todo en temas de lucha contra el terrorismo, la delincuencia organizada y la migración ilegal. Así se regulan la comparación automatizada vía *on line* de perfiles genéticos, habiendo tomado los Estados miembro las medidas necesarias para cumplir con la legislación en materia de las bases de datos de

ADN (Cabezudo Bajo, 2012). Además, el aumento de criminalidad internacional, ha favorecido que más países colaboren en convenios e implicación en la base de datos de INTERPOL (Cabezudo Bajo, 2012).

Conforme se va aumentando la cantidad de perfiles genéticos introducidos en las bases de datos policiales, los cuales son obtenidos gracias a las muestras dubitadas, las probabilidades de identificar a un sospechoso se incrementan, incluso en casos abiertos (Mestres Naval y Vives-Rego, 2012). No obstante, fundamentalmente sirven para exculpar a los inocentes, a pesar de que las bases y el análisis del ADN son herramientas muy útiles para la identificación de culpables de hechos delictivos (Baeta y Martínez-Jarreta, 2009).

Dependiendo de la información que almacenan se distinguen:

- Bases de datos forenses criminales: guardan datos de personas procesadas o condenadas, además de las evidencias biológicas de la escena del crimen. Algunas de estas muestras son obtenidas sin el consentimiento de las personas involucradas.
- Bases de datos forenses civiles: España fue el primer país en establecer una base de este tipo. Tienen el propósito de identificar personas desaparecidas, comparando el material genético de alguien no identificado con la muestra de un familiar. En este caso, dicho familiar sí debe dar su consentimiento. (Álvarez-Cubero et al., 2010). Sin embargo, esto implica la obtención de ADN de personas inocentes, por lo que se debe prestar especial atención a estas situaciones para manejar correctamente la información de la que se dispone, evitando dañar los derechos de dichos familiares (Mestres Naval y Vives-Rego, 2012).

También hay que tener en cuenta que el almacenamiento de estas muestras en las bases de datos no solo ofrece información sobre el individuo investigado o sospechoso, sino que también poseemos parte de la información genética de sus familiares con la misma herencia. Por ello, si se obtiene una coincidencia parcial de la información dubitada con la indubitada en investigaciones policiales, puede estar indicando que pertenece a alguien de su entorno familiar (Baeta y Martínez-Jarreta, 2009)

Evaluación Crítica Del ADN

La incorporación de las técnicas de estudio del ADN en el ámbito criminalístico ha significado una revolución porque el genoma puede ser analizado para identificar a un individuo concreto, ya que cada persona es única. Además, el ADN es idéntico en todas las células del organismo, y es posible extraer un perfil genético de una evidencia incluso aunque haya pasado mucho tiempo desde que las muestras fueron depositadas (Reyes Calderón, 2015).

El análisis de evidencias biológicas nos permite esclarecer a quien pertenecen, pero no puede aclarar el motivo de la existencia de la misma o decidir si el individuo identificado es culpable o inocente. Esta decisión le compete únicamente a un juez o jurado conforme a los procedimientos jurídicos legales y racionales a los que está sujeto su veredicto (Mestres Naval y Vives-Rego, 2012). En numerosas ocasiones se confunde lo que es de interés para el juez con la función del experto en Genética forense (A. Carracedo et al., 2010)

Para que la prueba de ADN sea altamente valorada en un proceso penal debe haberse obtenido, manipulado y analizado de la manera más correcta y fiable posible, siempre cumpliendo con los protocolos de actuación y cumpliendo con lo que la ley dicta (Cabezudo Bajo, 2012).

Esto quiere decir que se debe llevar a cabo una correcta recogida y embalaje de cada una de las evidencias de interés que son susceptibles de un posterior análisis en el laboratorio (Reyes Calderón, 2015). “Los restos biológicos se encuentran en situaciones adversas cuando abandonan las condiciones controladas y estables del organismo, principalmente por las variables medio ambientales como temperatura y humedad, a la exposición a sustancias químicas o de microorganismos, hongos y bacterias, ocasionando la degradación del indicio o la inhibición de los análisis, circunstancias que limitan la lectura de la información genética traduciéndose en la obtención de resultados parciales o incluso la no obtención de resultados” (Jeffreys et al., 1985; en Reyes Calderón, 2015, p. 4).

Comparando las técnicas basadas en el ADN con las huellas dactilares y su ciencia, denominada dactiloscopia, se puede observar que el factor de la temporalidad juega a favor de esta última, ya que se pueden obtener resultados fiables en poco periodo de tiempo. Además, la recuperación y el análisis de las huellas dactilares son menos

costosos económicamente que un estudio genético. Sin embargo, el ADN ha permitido resolver casos que seguían abiertos porque ni la dactiloscopia ni otras técnicas de identificación, como la ficha dental, habían servido para identificar al culpable. No obstante, el material genético es sensible a las contaminaciones biológicas, por lo que es una prueba que es tremendamente útil pero cuenta con ciertas limitaciones (Estrada Camacho, 2015).

Personas Desaparecidas Y Grandes Catástrofes

“Una catástrofe es un suceso caracterizado por ser un acontecimiento inesperado, inhabitual, que se instaura de forma rápida, con carácter colectivo, de manera que afecta a un sector de la población, produce importantes destrozos materiales y humanos y para su resolución es necesaria la intervención de medios de auxilio extraordinarios, por su número y por su naturaleza” (Vallejo y Alonso, 2009, p. 20). Estas catástrofes pueden ser naturales (por ejemplo, terremotos o tsunamis) o producidas por el hombre (como accidentes aéreos o atentados terroristas entre otros) (Naval y Vives-rego, 2010). La investigación de víctimas en catástrofes (IVC) es fundamental a nivel judicial, tanto civil como penal; así como por su trascendencia humanitaria y social (Vallejo y Alonso, 2009).

La estrategia de identificación de estas víctimas depende de las características de la catástrofe. En el proceso se requiere la actuación de equipos multidisciplinares, contando con distintas áreas científicas que ayuden a este propósito (Vallejo y Alonso, 2009). Normalmente en estos casos se realiza una doble tarea: primero asignar todos los restos de una misma persona (en el caso de que los cuerpos hayan quedado fragmentados), y posteriormente proceder a la correcta identificación de dicha persona (Naval y Vives-rego, 2010).

La primera guía de actuación fue creada por la INTERPOL en 1984 y revisada posteriormente en 1997 y 2009. Esta recibe el nombre de *Guía de identificación de víctimas de catástrofes*, y aborda los aspectos más importantes a tener en cuenta sobre la IVC. Más tarde y como consecuencia del atentado del 11-S estadounidense, los expertos del Instituto Nacional de Justicia de los Estados Unidos elaboraron la *Guía de identificación forense humana en grandes catástrofes*, la cual establece las funciones de cada una de las disciplinas científicas que intervienen en el proceso (Vallejo y Alonso, 2009).

No obstante, en nuestro país el primer acercamiento que se produjo en esta línea a nivel normativo fue el Real Decreto 2394/2004 de 30 de diciembre, que pone de manifiesto el “Protocolo para la recuperación, identificación, traslado e inhumación de los restos mortales de los miembros de las Fuerzas Armadas, Guardia Civil, y Cuerpo Nacional de Policía, fallecidos en operaciones fuera de su territorio” (Vallejo y Alonso, 2009).

Tras el atentado terrorista del 11 de marzo de 2004 en Madrid, el Ministerio de Justicia, elaboró junto con el Ministerio de Interior el “Protocolo nacional de actuación médico-forense y de policía científica en sucesos con víctimas múltiples”, aprobado en el Real Decreto 32/2009. El propósito de dicho protocolo era regular la participación de tribunales y jueces en la determinación de las causas y circunstancias de la muerte de un cadáver y su identificación. También se establece como obligatoria la toma de muestras de ADN para su posterior análisis tanto de los cadáveres como de los restos humanos que se encuentren. Además, el RD 32/2009 recomienda fotografiar y documentar los cadáveres antes de la obtención de la muestra, realizando un formulario y respetando la cadena de custodia. (Vallejo y Alonso, 2009).

La mejor tecnología a utilizar en casos de víctimas de grandes catástrofes es el estudio de los marcadores STR autosómicos o microsátélites, aunque frecuentemente se emplean los marcadores STR específicos del cromosoma Y si se trata de un varón, esto limita el número de muestras con las que hacer la comparación, ya que deben compartir idéntica vía paterna. También pueden estudiarse los polimorfismos de la secuencia del ADNmt, cuya herencia es exclusivamente materna. Su variabilidad genética es mucho menor que la que se puede obtener mediante los marcadores autosómicos, por lo que es útil como herramienta de discriminación pero no de identificación (Vallejo y Alonso, 2009).

En el atentado antes mencionado, el 11-M, se aplicaron unos marcadores distintos. Estos son los AIMs o marcadores informativos de ancestros, y son útiles para averiguar el origen geográfico de las personas que dejaron una evidencia biológica con una eficacia muy alta (Angel Carracedo, 2013)

La identificación de desaparecidos en circunstancias de conflictos bélicos o grandes catástrofes se ve facilitada gracias a las bases de datos de ADN, las cuales comparan los perfiles genéticos encontrados con perfiles de sus familiares o incluso suyos

propios con muestras previas al suceso, como pueden ser peines o cepillos de dientes. Dichas bases fueron empleadas satisfactoriamente en situaciones como el atentado del 11 de septiembre en Nueva York o el del 11 de marzo en Madrid (Baeta y Martínez-Jarreta, 2009)

En estos casos en que hay cadáveres que deben ser identificados, la utilización del ADNmt es de gran ayuda. Para ello las muestras de los posibles familiares (indubitadas) y las tomadas de los restos cadavéricos (dubitadas) deben extraerse y procesarse por separado (sin compartir el mismo tiempo ni el mismo espacio), evitando cualquier contaminación cruzada entre ellas. Una vez analizadas, se comparan ambas secuencias y se comprueba si existe compatibilidad entre los restos y las muestras familiares. “Si ambos presentan los mismos cambios, se llega a la conclusión de que están emparentados por vía materna” (Cano Fernández y Arce Antón, 2011, p. 10). Las muestras familiares deben ser preferiblemente (indicados en orden) de ascendientes o descendientes directos, es decir padres o hijos del fallecido, hermanos u otros familiares que compartan vía materna o paterna. Todo esto para facilitar los procesos de análisis y que sea más fiable el resultado (Vallejo y Alonso, 2009).

Posteriormente se procederá a un análisis del ADN nuclear, en el caso de que existan ascendientes o descendientes de primer grado del desaparecido, para asegurar la identificación del cadáver. Puede que esto no sea posible, porque no se cuente con familiares de primer grado o porque la evidencia se encuentra en un estado de degradación que no lo permite. En estos caso se deben mantener los resultados del ADNmt como una prueba que aporte información sobre la identidad del cadáver, apoyándose en otros datos antropológicos aproximados mediante el estudio de los restos cadavéricos, como la edad, el sexo o la estatura, que puedan completar la identificación del individuo de manera exitosa y certera (Cano Fernández y Arce Antón, 2011).

Programa Fénix

Fue creado por el grupo de investigación del Departamento de Medicina Legal y Toxicología de la Universidad de Granada en 1998 para identificar genéticamente cadáveres y restos humanos imposibles de identificar mediante otros métodos (Curiel, 2008). Posteriormente en 1999 se puso en marcha el “Programa Fénix, de identificación

genética de desaparecidos/cadáveres sin identificar”, mediante un convenio firmado entre la Guardia Civil y la Universidad de Granada (Cano Fernández y Arce Antón, 2011).

Principalmente sirve para tratar de encontrar personas desaparecidas tras guerras, problemas socio-políticos y desastres en masa. El programa fue pionero y creó un sistema nacional para conseguir los propósitos con los que había sido creado (Álvarez-Cubero et al., 2010), aunque en su origen carecía de regulación legislativa (Curiel, 2008).

Para ello, como ya se ha comentado, se han ido utilizando los últimos avances del ADMmt (Cano Fernández y Arce Antón, 2011), con lo que FÉNIX se compone de dos bases de datos independientes pero relacionadas para identificar perfiles, los cuales surgen de la comparación de muestras de ADN de forma automática. La primera contiene la información genética de los microsatélites del ADN nuclear y cromosoma Y, además de secuencias de ADNmt donadas voluntariamente por los familiares. El conjunto de estas muestras recibe el nombre de Base de Datos de Referencia y se encuentra en la Universidad de Granada. La segunda contiene los perfiles genéticos de los restos cadavéricos hallados e inidentificados por los métodos tradicionales, que son remitidos al laboratorio del Servicio de Criminalística de la Guardia Civil en Madrid (Álvarez-Cubero et al., 2010; Cano Fernández y Arce Antón, 2011). Las muestras de esta última son obtenidas de huesos y restos que no han podido ser identificados mediante procedimientos estandarizados previos como huellas dactilares, estudios antropológicos, odontológicos, rayos X, etcétera (Lorente et al., 2001).

Ambas bases se cotejan entre sí para establecer la compatibilidad de muestras y la posibilidad de relaciones por vía materna de las mismas, completando el estudio con el ADN nuclear siempre que sea posible, como ya se ha mencionado (Cano Fernández y Arce Antón, 2011).

Para el análisis de ADN en muestras antiguas o degradadas hay que tener en cuenta los procesos que tienen lugar, como las reacciones de oxidación, la radiación, las reacciones hidrolíticas o los procesos de degradación enzimática (Álvarez-Cubero et al., 2010). En estos caso cada vez se emplea más utilización del ADNmt aunque sus resultados no sean del todo confirmativos y concluyentes como puede suceder con el nuclear (Cano Fernández y Arce Antón, 2011).

Discusión Y Conclusiones

A lo largo de este trabajo se ha visto qué es el ADN, sus características, su clasificación y la potencialidad que ofrece en el ámbito legal y forense. Puesto que el genoma humano es universal, diverso y estable, la información genética se puede considerar el método perfecto para llegar a la identificación de un individuo. Esto quiere decir, que todos tenemos una constante información genética en nuestras células que nos hace únicos, lo que consigue que cualquier muestra que contenga ADN pueda ser susceptible de análisis y sea capaz de atribuirse al individuo del que proviene. Su descubrimiento revolucionó en su momento la ciencia y la biología, pero más tarde se averiguó su facultad como técnica identificativa, la cual era superior a la que ofrecían otras hasta el momento como la huella dactilar o el análisis de los grupos sanguíneos. Este hecho cambió la ciencia forense, surgiendo la Genética forense, la cual se ocupa de aplicar los conocimientos y posibilidades del ADN y de su estudio a casos legales. Así la biología y la Genética forense van evolucionando paralelamente, con la utilización del ADN nuclear, el ADNmt o el cromosoma Y, en función de las muestras que se obtienen y el estudio de las mismas que puede realizarse. Incluso con el descubrimiento de los microsatélites o STRs de la parte no codificante del ADN, que constituyen la parte más útil del ADN con propósitos identificativos, debido a su alta variabilidad en la población y a que no contiene información sensible de las personas que pueda vulnerar sus derechos. Además, actualmente se está empezando emplear miniSTRs, los cuales son más pequeños y útiles en muestras biológicas degradadas.

En lo que respecta a los usos criminológicos del ADN, destaca su utilidad en temas civiles como pruebas de paternidad, pero sobre todo en casos penales donde podemos comparar una muestra encontrada en el escenario de un delito con una muestra de referencia. A estas se les llama muestra dubitada y muestra indubitada, respectivamente. Pero no solo podemos emplear esta técnica para averiguar al culpable de un crimen, sino que también es posible exonerar a un inocente condenado o incluso utilizarla para otras circunstancias en las que se requiere una identificación genética como en casos de personas desaparecidas. Sin embargo, los estudios de ADN con estos fines deben de hacerse cumpliendo con ciertos protocolos y normas para evitar que las muestras resulten dañadas o contaminadas, y ello puede poner en peligro su calidad y fiabilidad. Para ello se debe respetar la cadena de custodia, siendo profesionales preparados quienes intervienen, conscientes de cómo deben proceder, procurando provocar las menores

alteraciones posibles para mantener intactos los vestigios biológicos sujetos a estudio. Muchas veces estas muestras dubitadas son muy pequeñas o se encuentran en condiciones delicadas, por lo que es necesario multiplicar la información genética disponible para poder estudiarla, lo cual se lleva a cabo mediante una PCR. Y una vez obtenidos los resultados, deben ser valorados para posteriormente interpretar la coincidencia o no coincidencia de las muestras. No obstante, la última palabra en materia jurídica es competencia del juez.

La utilización del ADN con los propósitos antes mencionados y los métodos de extracción u obtención también suponen un dilema a nivel ético y jurídico que, tanto la legislación española como la europea, han tenido que regular. Es por eso que este trabajo también ha hecho una revisión de la legislación que regula su extracción y utilización. Sin embargo, hace falta el establecimiento de un protocolo estable de actuación para la obtención de muestras biológicas con la mayor fiabilidad posible, preservando la calidad e integridad de las mismas. Al igual que es necesaria la regulación europea que contemple aquellos supuestos en los que se manipulen muestras de ADN transfronterizamente. A pesar de esto, la ley sí que protege los derechos de las personas que se pueden ver afectadas mediante la utilización de su información genética para ser identificadas y posiblemente acusadas de un hecho delictivo: como el derecho a la integridad física y moral, a la intimidad personal y libertad, a no declarar contra sí mismo, a la dignidad de la persona, a la libertad de movimientos, y a la presunción de inocencia. No obstante, siguen existiendo detractores a la utilización de esta información por el riesgo que puede suponer contra las libertades individuales, unido a que puede ser susceptible de almacenamiento en bases de datos genéticas, cuya existencia también tienen numerosos beneficios.

El principal de estos beneficios es que se pueden realizar comparaciones de muestras biológicas de forma automatizada, siendo mucho más sencilla la averiguación de la identidad de dichas pruebas, como sucedería con las bases de datos criminales. Pero también hay que considerar los bancos de datos civiles, que permiten la identificación de restos en accidentes o grandes catástrofes, o personas desaparecidas, lo cual antes era una tarea muy complicada de conseguir. Quizás sería interesante incluso plantearse en el futuro un banco genético que archivase perfiles de víctimas, por posibles descubrimientos de su ADN en el entorno de un sospechoso cuando el de este no fue hallado en el escenario del crimen cometido contra aquella víctima. No obstante, estos perfiles no podrían

emplearse para investigar la participación de las víctimas o sus familiares en infracciones penales (García, 2013). Lógicamente, la existencia de estas bases de datos y el almacenamiento de su información también debe ser regulado, como el hecho de que únicamente se pueda guardar la parte no codificante ADN y las aplicaciones que se pueden dar a su uso. Sin embargo, todavía existen requisitos éticos que no están contemplados del todo, como la duración temporal del almacenamiento de dichas muestras en las bases de datos, o el hecho de que a partir de ellas no solo tenemos acceso a la información genética del individuo concreto sino también de parte de su familia.

No obstante, y a pesar de las críticas que se han pronunciado sobre las bases de datos genéticos, es una herramienta que puede ser tremendamente útil en circunstancias en las que es complicado identificar a una persona. Es así si se utiliza cumpliendo las normas legales y éticas establecidas al respecto y se emplea con el adecuado rigor. Por ejemplo, cuando las muestras que se obtienen se encuentran en un estado degradado y ello impide los tradicionales estudios.

Retomando el asunto de personas desaparecidas y grandes catástrofes, se han hecho muchos avances al respecto, aunque a raíz de sucesos como el atentado terrorista del 11-M en 2004. Sin embargo, esto ha servido para establecer unos protocolos de actuación a seguir en estas circunstancias que mejoran las posibles actuaciones en el futuro en este ámbito. Unido al avance de la biología, gracias al cual se sabe que en estas situaciones es más recomendable estudiar el ADNmt, porque tiene mayor número de copias y es más resistente que el nuclear. No obstante, no tiene tanta capacidad discriminatoria como este, por lo que hay que contar con una muestra de algún familiar o del propio desaparecido (anterior al suceso) con la que poder comparar aquella encontrada.

En esta línea se creó a nivel nacional es denominado Programa Fénix que supone un sistema de dos bases de datos que recoge las muestras halladas en la escena de alguna desaparición o catástrofe y las muestras cedidas voluntariamente por sus familiares, con el fin de averiguar su identidad realizando comparaciones de forma automatizada y así poder encontrar personas con mayor facilidad. Aunque siempre hay que tener en cuenta las condiciones que pueden presentar las muestras, ya que pueden estar muy degradadas y que sea muy complicado extraer y utilizar la información genética.

En definitiva, el descubrimiento del ADN ha sido una revolución para la ciencia y en concreto, su empleo como soporte forense ha sido de gran utilidad para la resolución de casos y problemas que antes eran muy difícil de solucionar. Hay distintos tipos de ADN y sus características y funciones han de ser tenidas en cuenta a la hora de recurrir a ellas para su investigación; así como es fundamental considerar su estado de conservación y llevar a cabo su extracción y estudio con el mayor rigor y control posible. Aquí entra en juego también el papel que ejerce la legalidad conforme a su utilización, de modo que no vulnere los derechos y libertades de los ciudadanos, y la posible inclusión de dichas muestras en bases de datos nacionales e internacionales con el fin de agilizar el proceso y conseguir identificaciones que antes se creían imposibles. Por último, el uso del ADN en la criminalística ha servido de gran sustento en aquellos casos en los que se encontraba una persona desaparecida o había ocurrido una catástrofe, sirviendo de forma identificativa a los restos, lo cual puede ser de gran importancia a nivel ético y sobre todo personal para la familia del individuo.

Referencias

- Alonso, A. A. (2004). Conceptos básicos de ADN forense. *Centro de Estudios Jurídicos*, 1860–1871. http://www.cej.justicia.es/cej/html/publicaciones_01.htm
- Álvarez-Cubero, M. J., Mtnez-Gonzalez, L. J., Saiz, M., Álvarez, J. C., & Lorente, J. A. (2010). Nuevas aplicaciones en identificación genética. *Cuadernos de Medicina Forense*, 16(1–2), 5–18. <https://doi.org/10.4321/s1135-76062010000100002>
- Baeta, M., & Martínez-Jarreta, B. (2009). *Situación actual de las bases de datos de ADN en el ámbito forense : Nuevos avances , nuevas necesidades jurídicas.*
- Bayón López, C. (2014). El ADN: una certeza científica que nos hace únicos (parte I). *Quadernos de Criminología: Revista de Criminología y Ciencias Forenses*, 27, 11–15.
- Cabezudo Bajo, M. J. (2012). La regulación del “Uso forense de la tecnología del ADN” en España y en la UE: identificación de cinco nuevas cuestiones controvertidas. *Revista General de Derecho Procesal*, 26, 1–23. <http://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=3877475&info=resumen&idioma=SPA>
- Cano Fernández, J. A., & Arce Antón, B. (2011). Genética Forense: Crimen e Identidad. *Instituto Universitario De Investigación Sobre Seguridad Interior*, 4, 1–12. https://s3.amazonaws.com/academia.edu.documents/32331320/Genetica_Forense.pdf?AWSAccessKeyId=AKIAIWOWYYGZ2Y53UL3A&Expires=1520281148&Signature=yE02%252B3aInY0EEqqHDdIP5MGbBRk%253D&response-content-disposition=inline%253B filename%253D1_-_INSTITUTO_UNIVERS
- Carracedo, A., Salas, A., & Lareu, M. V. (2010). Problems and future challenge of forensic genetics in the XXI century. *Cuadernos de Medicina Forense*, 16(1–2), 31–35. <https://doi.org/10.4321/S1135-76062010000100004>
- Carracedo, Angel. (2013). *ADN: La Genética forense y sus aplicaciones en investigación criminal.*
- Comité Internacional de la Cruz Roja (CICR). (2009). Personas Desaparecidas Análisis Forense de ADN e Identificación de Restos Humanos. *Comite Internacional Geneve*, 52. https://www.icrc.org/spa/assets/files/other/icrc_003_4010.pdf

- Curiel, A. M. (2008). Utilidad criminológica del ADN: actualización. *Quadernos de Criminología: Revista de Criminología y Ciencias Forenses*, 1, 43–46.
- Estrada Camacho, I. (2015). Huella genética vs. Huella dactilar. *Archivos de Criminología, Seguridad Privada y Criminalística*, 14(7), 1–23.
<https://repositories.lib.utexas.edu/handle/2152/39127><https://cris.brighton.ac.uk/ws/portalfiles/portal/4755978/Julius+Ojebode%27s+Thesis.pdf>https://ausir.salford.ac.uk/29369/1/Angela_Darvill_thesis_esubmission.pdf<https://dspace.lboro.ac.uk/dspace-jspui/ha>
- García, C. (2013). La obtención de muestras biológicas para el análisis de ADN. Pronunciamientos jurisprudenciales al respecto. *Revista Catalana de Seguretat Pública*, 153–176.
- Jeffreys, A. J., Wilson, V., & Theint, S. L. (1985). Individual-specific “fingerprints” of human DNA. *Nature*, 316, 76–79.
- Lorente, J. A., Entrala, C., Alvarez, J. C., Arce, B., Heinrichs, B., Lorente, M., Carrasco, F., Budowle, B., & Villanueva, E. (2001). Identification of missing persons: The Spanish “Phoenix” program. *Croatian Medical Journal*, 42(3), 267–270.
- Martínez de Pancorbo, M. A., Castro, A., & Fernández-Fernández, I. (1998). Límites de la tecnología basada en el ADN. *Eguzkilore*, 12, 125–146.
- Mestres Naval, F., & Vives-Rego, J. (2012). La resolución de casos abiertos, exoneraciones y análisis familiares por medio de la genética avanzada: Aspectos forenses, sociales y éticos. *Revista Electrónica de Ciencia Penal y Criminología*, 14–04, 1–18.
- Naval, F. M., & Vives-rego, J. (2010). La Genética forense: utilidad en la administración de la Justicia, repercusión social y aspectos éticos. *Revista Del Col·legi de Biòlegs de Catalunya*, 15, 12–19.
- Ramallo Machín, A. C. (2015). *ADN: huellas genéticas en el proceso penal* [Universidade da Coruña]. <http://ruc.udc.es/dspace/handle/2183/16126?show=full>

- Reyes Calderón, J. A. (2015). Efecto del tiempo y la temperatura en la viabilidad del ADN en la perfilación genética de muestras de sangre. *Archivos de Criminología, Seguridad Privada y Criminalística*, 4(14), 1–13.
<https://repositories.lib.utexas.edu/handle/2152/39127><https://cris.brighton.ac.uk/ws/portalfiles/portal/4755978/Julius+Ojebode%27s+Thesis.pdf>https://salford.ac.uk/29369/1/Angela_Darvill_thesis_submission.pdf<https://dspace.lboro.ac.uk/dspace-jspui/ha>
- Vallejo, G., & Alonso, A. (2009). La identificación genética en grandes catástrofes: avances científicos y normativos en España. *Revista Española de Medicina Legal*, 35(1), 19–27. [https://doi.org/10.1016/s0377-4732\(09\)70004-5](https://doi.org/10.1016/s0377-4732(09)70004-5)
- Vives-Rego, J. (2016). Justicia Y Ciencia: Avanzando Juntas Para Construir Un Mundo Mejor. *Revista Inclusiones*, 3(2), 10–27.
<http://diposit.ub.edu/dspace/bitstream/2445/98402/1/661678.pdf>