

# Búsqueda familiar de largo alcance: una nueva forma de detectar sospechosos basada en el DNA

Francesc Mestres<sup>1 2</sup>, Cinta Pegueroles<sup>1 3</sup>, Josep Vives-Rego<sup>1 4</sup>

<sup>1</sup>Universitat de Barcelona.

<sup>2</sup>Catedrático de Genética. Profesor de Genética Forense.

<sup>3</sup>Profesora Asociada. Profesora de Genética Forense.

<sup>4</sup>Profesor Honorífico. Perito Judicial Medioambiental.

Mestres, F., Pegueroles, C. y Vives-Rego, J. (2022). Búsqueda familiar de largo alcance: una nueva forma de detectar sospechosos basada en el DNA. *Revista Electrónica de Criminología*. 05-02. 1-19. <https://doi.org/10.30827/rec.5.33215>

**RESUMEN:** Recientemente ha aparecido una nueva forma de identificar sospechosos mediante el DNA, útil cuando los procedimientos estándar no dan resultado. Se trata de la búsqueda familiar de largo alcance, que ha permitido resolver casos abiertos. El objetivo de este artículo es mostrar, de manera concisa y clara, en que consiste este nuevo procedimiento. En líneas generales, se trata de extraer nuevamente DNA del sospechoso a partir muestras biológicas que se conserven. Hay que obtener su perfil genético de manera que sea compatible con los existentes en los bancos de datos usados para construir genealogías. Se debe introducir el perfil del sospechoso en dichos bancos y buscar si parte del mismo coincide con el de alguna persona. Si es así, seguramente se trata de un familiar lejano. Se busca el antepasado común y a partir de él se reconstruye el árbol genealógico familiar hasta los descendientes actuales. Entre ellos estará el sospechoso, que podrá ser identificado aplicando diferentes técnicas de filtraje.

**PALABRAS CLAVE:** DNA, marcadores genéticos, perfil genético, bancos de datos, casos abiertos, búsqueda familiar, genealogía genética.

## LONG-RANGE FAMILIAL SEARCH: ANOTHER APPROACH TO DETECT SUSPECTS BASED ON DNA

**ABSTRACT:** A new procedure to identify suspects by means of DNA has recently emerged, useful when standard procedures fail. It is called the long-range familial search, which has allowed to solve cold-cases. The objective of this article is to present, in a concise and clear way, this new procedure. In general terms, it consists of extracting again the suspect's DNA from biological samples that are preserved. It is necessary to obtain the genetic profile, but compatible with those existing in the databanks used to build genealogies. The suspect's profile must be introduced in these data banks and to find out possible partial matches with someone else. If so, it is probably a distant relative. Once the common ancestor is obtained then the corresponding familial genealogical tree is reconstructed up to the current descendants. Among them will be the suspect, who can be identified by applying different filtering techniques.

**KEYWORDS:** DNA, genetic markers, genetic profile, databanks, cold-cases, familial search, genetic genealogy

FECHA DE RECEPCIÓN EN REC: 24/05/21

FECHA DE PUBLICACIÓN EN REC: 30/05/22

AUTOR/A DE CORRESPONDENCIA: Francesc Mestres [fmestres@ub.edu](mailto:fmestres@ub.edu)

**SUMARIO:** I. Introducción. 1.1 Definición y objetivos. 1.2 Búsqueda del sospechoso mediante el DNA. 2. Procedimiento de actuación para desarrollar una búsqueda familiar de largo alcance. 2.1 Un mínimo de genética básica para comprender los fundamentos de la búsqueda. 2.2 Extracción del DNA y obtención del perfil genético del sospechoso. 2.3 Identificación de segmentos cromosómicos de DNA en común y construcción del vínculo genealógico. 2.4 Generación de posibles sospechosos y selección de los mismos. 3. Ejemplos de casos resueltos mediante este tipo de búsquedas. 3.1 El caso "Golden State Killer". 3.2 El caso del doble homicidio en el condado de Snohomish (Washington). 3.3. El caso Genevieve "Jenny" Zitricki. 3.4 El caso Angie Dodge. 3.5 El caso de la "Chica de ante". 4. Puntos fuertes y débiles en la utilización de las búsquedas familiares de largo alcance. 5. Breves consideraciones sociales, éticas y legales. Bibliografía.

## 1. Introducción

### 1.1 Definición y objetivos

Recientemente ha aparecido en la prensa y en las revistas especializadas de genética forense un nuevo tipo de búsqueda de sospechosos. Este procedimiento se conoce en inglés como '*long-range familial search*' que puede traducirse como 'búsqueda familiar de largo alcance'. Esta aproximación experimental pretende identificar a un sospechoso cuando los otros procedimientos de investigación no han dado ningún resultado. El perfil genético del sospechoso se basa en el DNA<sup>1</sup> obtenido a partir de un vestigio biológico (sangre, saliva, semen, etc.) que fue recuperado en el lugar de los hechos. La idea es buscar similitudes genéticas parciales (basadas en el DNA) en bancos de datos no policiales en los que existan un número elevado de personas con sus respectivos perfiles genéticos. Estas similitudes permitirán identificar y construir la genealogía de un grupo familiar amplio en el cual probablemente se encuentra el sospechoso en cuestión. Posteriormente hay que realizar una serie de filtros analíticos para ir reduciendo la lista de personas que cumplen la condición de posible sospechoso. Una vez se tiene un único candidato (o un número reducido) se debe realizar la comprobación directa de

<sup>1</sup> En este trabajo utilizaremos las iniciales DNA para referirnos al ácido desoxirribonucleico ya que es el nombre científicamente correcto de la molécula, a pesar de que en nuestro país se usa comúnmente la versión traducida, es decir, ADN.

<sup>2</sup> Un marcador genético es un fragmento pequeño de ADN con unas determinadas características que permiten identificar a las personas. Los más utilizados en genética forense son los STR (*Short Tandem Repeats* o secuencias

concordancia entre el perfil genético de DNA del posible sospechoso identificado a partir del banco de datos no policial y el del vestigio biológico recogido en el lugar de los hechos.

El objetivo del presente trabajo es explicar de manera conceptual y clara como se lleva a cabo esta búsqueda, sus puntos fuertes y débiles, sus principales aplicaciones y sus consideraciones sociales, éticas y legales. Pensamos que puede ser de gran interés para los especialistas en ciencias penales y para las personas que trabajan en el ámbito judicial. Como mostraremos este procedimiento analítico no siempre da resultados positivos y tiene una serie de problemas de índole técnica y también en la vertiente ética y legal. Pero si es cierto que desde su introducción en 2018 ha permitido resolver en los Estados Unidos un gran número de casos abiertos ('*cold cases*') antiguos y actuales. Algunos de ellos han tenido gran repercusión mediática puesto que en su día causaron gran alarma social. Mostraremos porque este procedimiento se puede aplicar en dicho país y otros similares, pero aún tardará en poder realizarse en nuestro país, aunque estamos convencidos de que a medio plazo será de aplicación también en España. Aunque en la prensa se acostumbra a mostrarse casos de tipo criminal, esta búsqueda se ha utilizado con éxito en otras situaciones como la identificación de personas desaparecidas o exoneraciones, las cuales también comentaremos.

### 1.2 Búsqueda del sospechoso mediante el DNA

La genética forense tiene más de un siglo de antigüedad, pero es verdad que la introducción del DNA en criminalística generó un gran salto de calidad en su importancia para resolver diferentes tipos de casos judiciales (Jobling y Gill 2004; Mestres y Vives-Rego 2019a). No se necesita conocer todo el material genético de una persona (el genoma) sino que con una colección de unos cuantos (entre 13 y 25) marcadores genéticos<sup>2</sup> se puede obtener el denominado perfil genético. Éste es casi exclusivo para cada persona individual<sup>3</sup> y permite identificarla con una probabilidad de error ínfima. El uso más corriente en genética forense es lo que podríamos denominar una identificación 'directa', que consistiría en los siguientes

cortas repetidas en tándem), aunque existen de otros tipos. Para más detalles se puede consultar: Butler (2005) o Mestres y Vives-Rego (2009b).

<sup>3</sup> Los hermanos gemelos monozigóticos (o idénticos) tiene exactamente la misma composición genética, luego no pueden diferenciarse mediante los marcadores genéticos. Actualmente, pueden identificarse individualmente según los patrones de metilación que presenten sus respectivos DNAs y por otras aproximaciones moleculares. De manera clásica se pueden diferenciar por las huellas dactilares.

pasos. En el lugar de los hechos se recogen muestras biológicas del sospechoso y se obtiene su perfil genético. De entrada, no se conoce la identidad del sospechoso, pero la investigación policial puede llevar hasta un individuo que podría serlo. Con un mandato judicial se puede obtener su perfil genético (será una muestra indubitada ya que se conoce su identidad) y se compara con el del lugar de los hechos. Si coinciden, se puede vincular al sospechoso con el lugar de los hechos. Evidentemente debe valorarse el peso estadístico de esta coincidencia de perfiles genéticos calculando la RMP (*Random Match Probability*), que es la probabilidad de encontrar el mismo perfil genético al azar en la población considerando personas no emparentadas (Mestres y Vives-Rego 2009c). Si no coinciden, se produce la exclusión de dicha persona del caso que se investiga. Por ejemplo, este tipo de investigación directa de los perfiles genéticos permitió resolver los casos Wanninkhof (1999) y Carabantes (2003) (Montes 2005) o los crímenes del Putxet (Heredia 2003).

Si la investigación policial no da resultados directos, se puede investigar si el perfil genético recuperado en el lugar de los hechos coincide con alguno depositado en un banco de datos de DNA de ámbito policial<sup>4</sup>. Estos fueron desarrollados por primera vez en el Reino Unido en 1995, poco después de empezarse a utilizar los STR como marcadores genéticos útiles en la investigación forense (Goodwin et al. 2007). Según la legislación de cada país, estos bancos de datos contienen los perfiles genéticos de personas arrestadas o condenadas con motivo de algún delito. A pesar de no estar libres de problemas se han demostrado ser unos elementos muy útiles en la investigación policial permitiendo resolver gran número de casos (Butler 2005; Mestres y Vives-Rego 2009c; Walsh et al. 2010; Krinsky y Simoncelli 2011; Asplen 2014; Mestres y Zivanovic 2018; Alonso 2019). Los bancos de datos van creciendo cada año con los perfiles genéticos de nuevas personas que se van incorporando. Por esta razón la coincidencia entre el perfil obtenido en el lugar de los hechos y uno depositado en el banco de datos puede ser inmediata, si la información genética sobre dicha persona ya estaba

depositada. También puede demorarse, hasta que el perfil genético se haya introducido como consecuencia de otro delito o no aparecer nunca si dicho perfil no llega a introducirse. Evidentemente cuando se detecta la coincidencia hay que calcular la RMP y antes de proceder a la detención del sospechoso asegurarse de su posible vinculación con el caso a fin de evitar errores, que son infrecuentes pero que pueden producirse<sup>5</sup>. Actualmente estas equivocaciones son muy improbables al utilizar un número considerable de marcadores STR, pero habían sucedido al principio de su introducción cuando solamente se usaban seis (Gill 2019).

Sin embargo, muchas veces no era posible encontrar un sospechoso en los bancos de datos policiales. Por dicho motivo el *Forensic Science Service* del Reino Unido puso a punto las denominadas 'búsquedas familiares'. La idea era buscar en los bancos de datos policiales, no la coincidencia exacta entre perfiles, sino detectar algunos que fuesen similares. Cuanto más cercano es un vínculo familiar, más material genético se comparte. Por ejemplo, entre familiares de primer grado (relaciones padre o madre respecto a hijo o hija y también entre hermanos y hermanas) se comparte como promedio un 50% del material genético (sin tener en cuenta los cromosomas sexuales). Además, entre progenitores (padre o madre) y descendientes (hijos e hijas), al menos un alelo para cada marcador genético ha de coincidir entre progenitor y descendiente. Para familiares más alejados (segundo o tercer grado) la cantidad de material genético compartido es menor. A pesar de los problemas éticos y legales que comporta, este procedimiento ha proporcionado buenos resultados resolviendo algunos casos importantes (Miller 2010; Krinsky y Simoncelli 2011; Mestres y Zivanovic, 2018). Debemos hacer notar que para que este tipo de búsqueda tenga éxito es necesario que algún familiar del sospechoso tenga su perfil genético incluido en un banco de datos policial. Este procedimiento genera un gran número de sospechosos potenciales, ya que habrá bastantes coincidencias parciales de perfiles debidas al azar. Por dicha razón hay que realizar una serie de

<sup>4</sup> A pesar de que en general se utiliza los conceptos de banco de datos y base de datos como sinónimos, nosotros somos favorables a utilizar la nomenclatura propuesta por Houck and Siegel (2006) donde un banco de datos es una colección de perfiles genéticos de personas, mientras que base de datos se refiere a una recopilación poblacional de las frecuencias génicas de los alelos para los diferentes marcadores (por ejemplo, STR).

<sup>5</sup> Aunque las RMP calculadas sean extremadamente bajas (del orden de  $10^{-25}$ , es decir de 0,000000000000000000000001), y actualmente lo son al utilizarse habitualmente una colección de 20-25 marcadores STR, hay que recordar que en ciencia no existe la certeza.

Ésta es una característica esencial e inherente a los principios de la propia ciencia experimental, puesto que está en la base del método científico. Para más información sobre estos aspectos recomendamos la lectura de Mestres y Vives-Rego (2015, 2016). Para entender la magnitud de esta probabilidad obtenida al calcular la RMP nos gustaría mostrar un ejemplo sencillo. Pensemos en términos de euros. Así un céntimo de euro, una cantidad muy pequeña, numéricamente equivale a 0,01. Por tanto, el valor de una RMP de 0,000000000000000000000001 es insignificante. Por esta razón la probabilidad de encontrar ese mismo perfil genético por azar en la población considerando individuos no emparentados es casi nula.

filtros (que describiremos más adelante), reducir la lista de candidatos potenciales, y analizar muy bien los que son seleccionados antes de llevar a cabo una detención. También puede pasar que algún familiar del sospechoso no sea detectado aun estando su perfil introducido en el banco de datos.

Cuando ninguna de las estrategias anteriores ha funcionado se puede recurrir a lo que en el mundo anglosajón se denomina un *'dragnet'*, que puede traducirse por *'pesca de arrastre'*. Este procedimiento consiste en analizar, de manera voluntaria o mediante una orden judicial, el DNA de todos los habitantes de una zona o comarca para ver si el perfil genético de alguno de ellos coincide con el del sospechoso. De hecho, se trata de construir un banco de datos policial con los perfiles genéticos de la gente geográficamente cercada al lugar de los hechos y habitualmente implica analizar únicamente varones al tratarse muchas veces de asaltos sexuales y asesinatos de mujeres. Este tipo de búsqueda se empleó en el primer caso criminal en el que se usó el DNA, el caso Pitchfork (Jeffreys 2005; Kaye 2010). A parte de los problemas inherentes de tipo ético y jurídico, en general los *dragnets* son caros, laboriosos y poco eficientes. La principal razón es que el autor de los hechos habitualmente acostumbra a huir antes de que pueda obtenerse su DNA. Un ejemplo en nuestro país es el caso Eva Blanco, donde esta aproximación para detectar al sospechoso fracasó ya éste que había huido al extranjero (Martinez, 1997; Ortega y Barroso 2015; Mestres y Zivanovic 2018). Muchas veces la policía espera no encontrar directamente al sospechoso, sino detectar un perfil genético parecido al suyo lo que indicaría que se trataría de un posible familiar y entonces orientar la investigación en esta dirección. Sorprendentemente en algunas ocasiones se ha detectado al sospecho mediante este método pues, aunque parezca increíble y probablemente por ignorancia, éste dona su DNA. Existen muy pocos casos con este resultado positivo y queremos mencionar a dos de ellos el de Cloppenburg (Alemania) donde se habían analizado unos 16.400 hombres de la zona siendo el mayor de la historia y el de Oudwoude (Holanda) (Krimsky y Simoncelli 2011; Mestres y Zivanovic, 2018).

## **2. Procedimiento de actuación para desarrollar una búsqueda familiar de largo alcance**

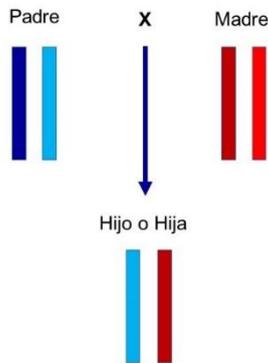
Hasta hace poco los procedimientos de búsqueda basados en el DNA y los bancos de datos policiales que hemos mencionado en la Introducción eran los únicos existentes. En 2018 se hizo público una nueva estrategia de búsqueda policial, la familiar de largo alcance. Para poder entender bien su lógica pensamos que puede ser útil describir de manera sencilla algunos conceptos fundamentales de genética.

### **2.1 Un mínimo de genética básica para comprender los fundamentos de la búsqueda**

La Genética es la disciplina científica que estudia la función de los genes y su transmisión a lo largo de las generaciones. De manera muy simple podríamos describir un gen como un fragmento de una molécula de DNA que realiza una función en el organismo. Un marcador genético sería también un trozo de una molécula de DNA sin función o cuya función no es conocida hasta el momento. Los genes pueden tener diferentes variantes, los denominados alelos. Por ejemplo, el grupo sanguíneo ABO se debe a un solo gen que tienen tres variantes diferentes, o alelos, que son  $I^A$ ,  $I^B$  e  $i$ . Los marcadores genéticos también tienen diferentes alelos. Por ejemplo, el STR TPOX, muy utilizado en genética forense, presenta 17 alelos diferentes. Los genes (y los marcadores genéticos) se encuentran en los cromosomas, que se localizan en el núcleo de las células y siempre van por parejas. En los humanos hay 23 pares de cromosomas. Existe un par especial, que son los cromosomas sexuales X e Y. Una mujer presenta dos cromosomas X (es por tanto XX) mientras que un varón tiene uno de cada tipo (XY). Los cromosomas no sexuales (22 pares) se denominan autosomas. Además, existe material genético (DNA) en los orgánulos celulares denominados mitocondrias, que están presentes en todas nuestras células en gran cantidad. Las mitocondrias nos vienen por el óvulo y por lo tanto presentan herencia materna, ya que siempre las recibimos de nuestra madre. Denominamos genoma al material genético de una persona. Muchas veces se comenta que el genoma es el manual de instrucciones para que funcione un organismo. Este símil no es del todo acertado. De hecho, el genoma actúa como un programa autoejecutable que se pone en funcionamiento cuando un espermatozoide fecunda un óvulo. En este momento se activa y dirige el desarrollo embrionario y postembrionario, hasta llegar a la edad adulta, donde sigue controlando el funcionamiento de nuestro cuerpo.

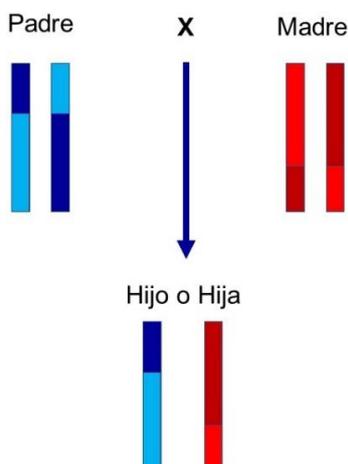
En la fecundación recibimos la mitad de los cromosomas de nuestro padre (vía un espermatozoide) y la mitad de nuestra madre (por medio del óvulo). Es decir, de cada pareja de cromosomas uno proviene de nuestro padre y otro de nuestra madre (Figura 1).

Figura 1. Se presenta una sola pareja de cromosomas no sexuales de los 22 que tenemos los humanos. Los dos cromosomas de la misma pareja del padre se muestran en diferentes tonos de azul, mientras que los de la madre en rojo. El hijo o hija de la pareja recibe un cromosoma de cada progenitor, en este caso el azul claro del padre y el rojo oscuro de la madre. El símbolo "X" indica apareamiento y la flecha descendencia



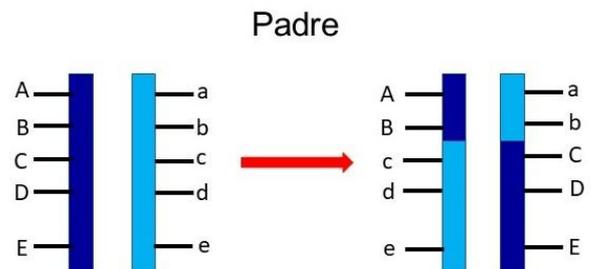
Este fenómeno pasa para todas las parejas de cromosomas. Sin embargo, el proceso de transmisión de los cromosomas no es tan sencillo. No se heredan los cromosomas enteros a partir del padre o de la madre, sino que en las células del tejido que darán lugar a los espermatozoides (hombres) u óvulos (mujeres) se produce un tipo especial de división celular denominada meiosis. En ella, cada pareja de cromosomas puede romperse por uno o dos puntos al azar, pero que serán iguales para los dos cromosomas que pertenecen al mismo par. Una vez cortados se fusionan de nuevo, pero intercambiándose los fragmentos entre los cromosomas de la misma pareja (Figura 2).

Figura 2. Los dos cromosomas de una misma pareja no se transmiten habitualmente intactos a la siguiente generación. Durante el proceso de división celular denominado meiosis, que permitirá la formación de los gametos (espermatozoides en el hombre y óvulos en la mujer) se producen los entrecruzamientos. Estos consisten en roturas exactamente en los mismos puntos de ambos cromosomas de la misma pareja, intercambio de los fragmentos equivalentes y nueva fusión de los mismos. Así, los nuevos cromosomas del padre que pasaran a la descendencia son una mezcla de fragmentos azul claro/azul oscuro y los de la madre combinaciones de rojo claro/rojo oscuro. En el ejemplo, el descendiente (hijo o hija de la pareja) recibe del padre el cromosoma de la izquierda y de la madre el de la derecha.



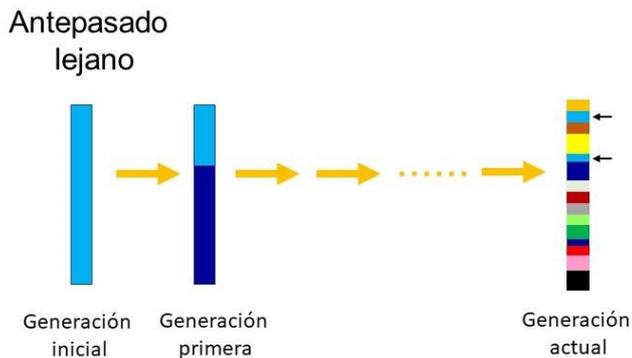
Este suceso recibe el nombre de entrecruzamiento y puede generar la aparición de combinaciones genéticas nuevas, fenómeno denominado recombinación (Figura 3).

Figura 3. Fijémonos en el mismo par de cromosomas del padre. Las letras indica genes (o marcadores genéticos) diferentes, que denominamos A, B, C, D y E. Están en los dos cromosomas del padre, pero uno presenta los alelos (variantes) mayúscula en el cromosoma azul oscuro (A, B, C, D y E) mientras que el otro cromosoma (azul claro) lleva los mismos genes, pero con los alelos (variantes) minúscula (a, b, c, d y e). En la meiosis, cuya consecuencia será al final la producción de los espermatozoides, se ha producido un entrecruzamiento. Es decir, se han cortado ambos cromosomas por el mismo punto, se han intercambiado los fragmentos y fusionado de nuevo. El resultado se muestra después de la flecha roja: se han intercambiado los fragmentos con los respectivos alelos que contenían. Así nos queda un cromosoma azul oscuro/azul claro con la combinación "A, B, c, d y e" y otro azul claro/azul oscuro ahora con los alelos "a, b, C, D y E". Por tanto, se ha producido recombinación ya que se han generado combinaciones genéticas nuevas.



Este mismo proceso se repite generación a generación, de manera que de la constitución original de un cromosoma de uno de nuestros tatarabuelos sólo heredamos uno (o unos) pequeños fragmentos (Figura 4). Estos fragmentos tendrán una combinación de alelos particulares para los marcadores genéticos que contengan.

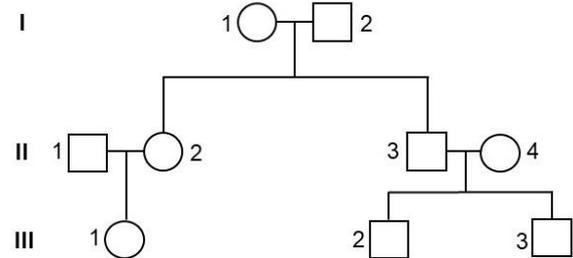
Figura 4. El cromosoma de nuestro antepasado lejano (por ejemplo, uno de nuestros tatarabuelos) era todo él azul claro. Pero no lo ha transmitido intacto a sus descendientes, sino que ha sufrido entrecruzamientos (y recombinación) con el otro cromosoma de su misma pareja, de manera que ha pasado un cromosoma con mezcla de fragmentos (azul claro/azul oscuro). Este mismo proceso se ha ido repitiendo en cada generación, de manera que en la actualidad cada uno de nosotros solamente conserva uno (o pocos o ninguno) de los fragmentos originales del cromosoma de dicho antepasado lejano nuestro. Los trozos que han perdurado del cromosoma original se muestran en azul claro y las pequeñas flechas negras ayudan a su localización.



Es por esta razón que los familiares genéticamente de primer grado (progenitores respecto a descendientes o hermanos/hermanas entre sí) comparten más material genético que los de segundo (abuelos/nietos, primos, tíos/sobrinos, etc.) o tercer grado<sup>6</sup>. Cuanto más lejano sea el nivel de parentesco menos material genético se espera compartir.

Para el caso que nos ocupa hay que construir la genealogía, es decir la historia de los ancestros de la familia que queremos analizar. Todos conocemos ejemplos de genealogía aplicada a casas reales o nobiliarias, o incluso de parte de nuestra propia familia, que se pueden construir en base a documentos o tradición oral, pero aquí queremos tratarlas desde el punto de vista genético. Para ello vamos a explicar brevemente la simbología que se utiliza. Un cuadrado denota un hombre, mientras que para una mujer se utiliza un círculo. Las líneas horizontales indican relación de apareamiento, mientras que las verticales lo hacen para la de descendencia. Los números romanos denotan la generación y los arábigos el orden (de izquierda a derecha) de los individuos de la misma generación. Existen más símbolos, pero con estos nos será suficiente. Un pequeño ejemplo de genealogía genética se muestra en la Figura 5.

Figura 5. Ejemplo de una genealogía genética. En la primera generación una pareja (I1 y I2) se aparea y tienen dos descendientes, una hija (II2) y un hijo (II3). La hija (II2) se aparea con un hombre (II1) y tienen una sola hija (III1). En cambio, el hijo (II3) lo hace con una mujer (II4) y tienen dos hijos (III2 y III3).



## 2.2 Extracción del DNA y obtención del perfil genético del sospechoso

La búsqueda de largo alcance consistirá en identificar familiares alejados detectando pequeños fragmentos cromosómicos en común, y que por tanto provienen de un antepasado que comparten el sospechoso y el familiar lejano. En esquema el procedimiento analítico de la búsqueda consta de los siguientes pasos: (1) Hay que extraer DNA del sospechoso a partir de las muestras biológicas (sangre, semen, saliva, etc.) que se conserven del caso. (2) Es necesario obtener su perfil genético utilizando los mismos marcadores genéticos que se usan en la construcción de genealogías genéticas. (3) Debe incorporarse el perfil genético del sospechoso a un banco de datos especial para la construcción de genealogías familiares. (4) Se buscan fragmentos cromosómicos idénticos (identificados por los marcadores genéticos) entre el perfil del sospechoso y el de alguna de las personas presentes en el banco de datos. (5) La identificación de fragmentos coincidentes indica vínculos familiares, entonces se debe buscar el antepasado común entre sospechoso y el familiar detectado en el banco de datos. (6) A partir de dicho antepasado común debe construirse toda la genealogía familiar con todos sus descendientes. Uno de ellos debe ser nuestro sospechoso. (7) La lista de candidatos a ser el sospechoso puede ser muy grande, por esta razón debe filtrarse (proceso que explicamos más adelante) hasta quedarnos con uno (o pocos) candidatos a ser el sospechoso. (8) Se debe obtener el DNA del candidato y comparar su perfil genético con el del sospechoso. Si concuerdan será el sospechoso que andamos buscando,

<sup>6</sup> Hemos utilizado los grados de parentesco que se utilizan en genética, que es el ámbito en el que se circunscribe este artículo. En otras disciplinas la definición de los niveles de parentesco puede ser distinta. Así, el primer grado incluye

solamente a los padres e hijos, mientras que los hermanos son considerados de segundo grado. Por ejemplo, según este criterio de clasificación los tíos y sobrinos serían de tercer grado.

sino se le excluye. A continuación, vamos a explicar el procedimiento analítico detalladamente.

El primer requerimiento es conservar una muestra biológica (sangre, semen, saliva, etc.) del sospechoso recogida en el lugar de los hechos para poder extraer suficiente DNA para su análisis. Si se trata de un caso antiguo a veces no es posible. Las técnicas moleculares actuales permiten, en muchas ocasiones, extraer suficiente DNA a partir de dichas muestras, aunque estén degradadas o contaminadas y poder obtener un perfil genético del sospechoso (Greytak et al. 2019).

En este tipo de búsquedas no se utilizan los STR como marcadores genéticos, sino los SNP<sup>7</sup>. Existen millones de ellos a lo largo de todos los cromosomas que constituyen el genoma humano y sabemos con precisión donde están localizados. Pueden analizarse hasta un millón de ellos en un solo proceso gracias a las nuevas técnicas de secuenciación masiva de nueva generación (NGS o *New Generation Sequencing*). Para ello se utilizan unos procedimientos basados en unos paneles (denominados técnicamente *microarrays*) que permiten conocer el perfil genético de una persona en base a centenares de miles de SNPs (Kling et al. 2021). Los paneles que se utilizan han de ser los mismo que emplean las empresas privadas que permiten a los usuarios obtener su perfil genético para conocer sus orígenes étnicos, su predisposición a posibles enfermedades, o a lesiones al practicar algunos deportes, o a alergias, etc.<sup>8</sup> Estas compañías, por un precio asequible<sup>9</sup>, facilitan que el usuario obtenga él mismo una muestra biológica de su cavidad bucal mediante un hisopo estéril que posteriormente se envía precintado de vuelta a la empresa para la posterior extracción y análisis de su DNA. Este punto es importante, ya que se compararán los SNPs del perfil genético del sospechoso con los de personas obtenidos por estas empresas.

<sup>7</sup> La abreviación de SNP viene del inglés “Single-Nucleotide Polymorphism”, traducido como “polimorfismo de nucleótido único”. Es un marcador genético que afecta a un solo elemento de la molécula de DNA (el nucleótido). Cada SNP solamente tienen dos alelos.

<sup>8</sup> Detalles técnicos sobre el análisis del DNA que realizan dichas compañías puede encontrarse en Kling et al. (2021).

<sup>9</sup> El precio aproximado oscilaría entre unos 60 dólares para los estudios más sencillos hasta los 160 dólares para los más completos. Los valores más corrientes están comprendidos entre 80-100 dólares. Algunas compañías permiten analizar el DNA de personas ubicadas en nuestro país.

<sup>10</sup> Esta empresa fue fundada en 2010 por Curtis Rogers y John Olson en Lake Worth (Florida, U.S.A.). Su propósito inicial era ayudar a los genealogistas amateurs y profesionales a

### 2.3 Identificación de segmentos cromosómicos de DNA en común y construcción del vínculo genealógico

La mayoría de dichas compañías no realizan la elaboración de genealogías basadas en el DNA. Este servicio lo efectúan otras empresas y sin duda la más conocida es GEDmatch<sup>10</sup>. Es un banco de datos público donde las personas que han obtenido su perfil genético en base a una misma colección de SNPs (el mismo panel) lo pueden introducir y compararlo con los que ya están almacenados. Ello permite realizar búsquedas de posibles familiares más o menos alejados y poder realizar genealogías basadas en la genética. Por ejemplo, muchas personas adoptadas lo han utilizado para encontrar a sus padres biológicos. Esta empresa contiene más de 1,45 millones de perfiles genéticos de usuarios, de los cuales el 65% pertenece a ciudadanos de los Estados Unidos y en menor porcentaje a otros países como Reino Unido (9%), Canadá (6%), Australia (4%), Francia (2%), etc. (Kling et al. 2021). La gran mayoría de perfiles genéticos subidos a dicho banco de datos proviene de personas cuyos ancestros son europeos, en especial del ámbito anglosajón. GEDmatch permite que su información genética individual almacenada pueda ser utilizada para fines policiales, aspecto importante que conocen sus clientes ya que se muestra en su página web.<sup>11</sup>

El siguiente paso es introducir el perfil genético (basado en el correspondiente panel de SNP) del sospechoso en el banco de datos que contiene los perfiles de muchas personas interesadas en las genealogías. Recordemos que para todas ellas se han analizado los mismos marcadores SNP, que son una colección amplia de ellos (centenares de miles)<sup>12</sup>. Mediante programas informáticos adecuados y ordenadores con gran potencia de procesamiento de datos se busca si existe algún grupo consecutivo de combinaciones de alelos para los SNP analizados que sean iguales entre el perfil del sospechoso y alguno de los almacenados en dicho banco. Hay que recordar que en las búsquedas con STR

realizar su labor. En 2019 fue comprada por Verogen, una compañía dedicada a la secuenciación del DNA con fines forenses. La página web de acceso a GEDmatch es: <https://www.gedmatch.com/login1.php> (consultada el 30 de abril de 2021).

<sup>11</sup>

[https://www.gedmatch.com/Documents/tos\\_20210111.html](https://www.gedmatch.com/Documents/tos_20210111.html) (consultada el 14 de abril de 2021).

<sup>12</sup> Queremos hacer notar que se comparan centenares de miles de SNP de una persona (el sospechoso) con los correspondientes a un millón largo de personas que forman el banco de datos. Es un esfuerzo de computación ingente e imprescindible hace unos pocos años.

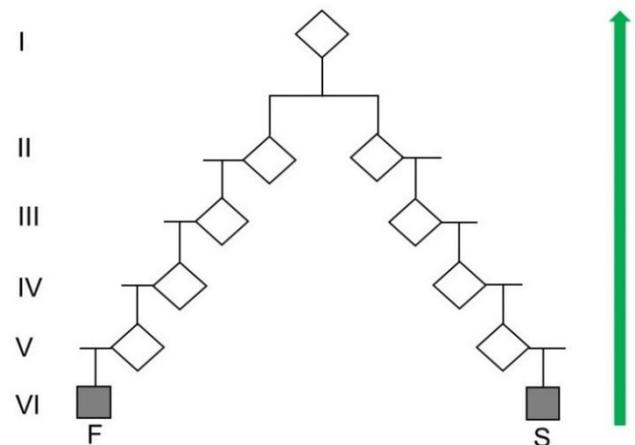
se utilizan normalmente entre 15 y 25 de ellos, mientras que para los SNP se usan centenares de miles (normalmente entre 600 y 700 mil).

“En pocas generaciones hacia atrás estamos todos emparentados”, es una frase que nos comentaba en sus clases el Dr. Antoni Prevosti, primer catedrático de Genética del Estado. Este es el principio lógico que se aplica en la búsqueda de largo alcance. El programa informático buscará fragmentos cromosómicos de un cierto tamaño a lo largo de todo el genoma del sospechoso que sean iguales en cuanto a su composición genética a trozos genoma de alguna persona incluida en el banco de datos. Es decir, los mismos SNP de los fragmentos comparados han de coincidir exactamente respecto a la composición de sus alelos (variantes). Alguno de estos fragmentos sería equivalente a uno de los pequeños trozos de colores representados en el cromosoma de la derecha de la Figura 5. Si se detectan dos fragmentos iguales entre sospechoso y alguna persona del banco de datos, estos segmentos se denominan “idénticos por descendencia” al haberse heredado exactamente iguales a partir de un antepasado común. Esta coincidencia permite detectar posibles familiares lejanos en el banco de datos. La longitud de los tamaños que se buscan es importante: si son muy grandes solamente se podrán detectar familiares muy cercanos (primer grado) y si son especialmente pequeños puede haber coincidencia de fragmentos debido al azar entre personas que carecen totalmente de vínculos familiares. La longitud de los fragmentos se mide en unas unidades denominadas los centimorgans (abreviados cM)<sup>13</sup>. Para tener una noción de la magnitud de dicha medida, se debe mencionar que la longitud total del conjunto de los cromosomas que componen el genoma humano se estima en 3.614,71cM (Kong et al. 2002). En la búsqueda informática los fragmentos mínimos que se consideran deben contener más de 500 SNP coincidentes y tener una longitud superior a 5-7 cM (Greytak et al. 2016). A veces se encuentra un posible familiar (y con suerte más de uno) y en función de la coincidencia de los fragmentos se puede estimar su grado de parentesco. Recordemos que para un mismo grado de parentesco existen diferentes

relaciones familiares posibles. A veces no se detecta ninguno<sup>14</sup>, pero igual en el futuro se puede encontrar algún familiar, tal y como ocurre en los casos de búsqueda directa o familiar en bancos de datos policiales<sup>15</sup>, ya que también estos bancos genealógicos van incrementándose con nuevas personas a lo largo del tiempo.

Supongamos que se detecta una coincidencia. En función de la longitud del fragmento compartido entre sospechoso (al que llamaremos S) y familiar (al que denominaremos F) se puede estimar el grado de parentesco. Entonces hay que reconstruir la genealogía para saber que antepasados tienen en común y en concreto de qué ancestro provienen, lo cual no es sencillo (Figura 6).

Figura 6. Se ha detectado un fragmento coincidente entre el sospechoso (S) i un familiar lejano (F). Hay ir hacia atrás en el tiempo para reconstruir la genealogía y localizar al antepasado común más próximo entre ellos. En este caso, por el DNA, sabemos que S i F son hombres, pero en principio no sabemos el sexo de sus ancestros que nos conducen hasta su antepasado común. Por esta razón se usa el símbolo del romo que indica sexo no conocido. La flecha indica el sentido de la búsqueda genealógica hasta el antepasado común.



Existen diversas técnicas para poder hacerlo (Moore 2016; Bettinger and Wayne 2016; Mills 2018). También es de ayuda si la persona F ha introducido información familiar adicional en el banco de datos genealógicos. A veces hay coincidencias de fragmentos entre diferentes

<sup>13</sup> Consideramos que no es necesario para la comprensión del artículo explicar detalles adicionales sobre esta medida. Su nombre es en honor de Thomas Hunt Morgan (1866-1945), genetista iniciador de los estudios con la mosca de la fruta o del vinagre, *Drosophila melanogaster*. Él y su equipo fueron los pioneros en la elaboración de los mapas genéticos, que permitían saber la posición de los genes en los cromosomas. Si algún lector desea detalles adicionales sobre los mapas genéticos y la longitud de los fragmentos cromosómicos le recomendamos la lectura de Ayala y Kiger (1984), Griffiths et al. (2008) o Pierce (2016).

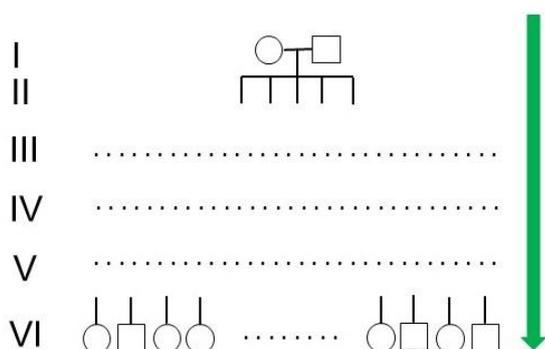
<sup>14</sup> También podría aparecer algún falso positivo, donde la concordancia es debida al azar entre personas sin vínculos familiares aparentes (seguramente por compartir algún antepasado muy remoto), aunque por las condiciones de la búsqueda es improbable.

<sup>15</sup> En búsquedas directas y familiares existen muchos ejemplos en los que no se encontraron coincidencias en el primer análisis, pero si al repetirlos al cabo de un tiempo. Los casos presentados en Grant (2010) o Miller (2010) sirven como ejemplos de estas situaciones.

personas y por tanto detectamos distintos familiares (personas F) en el banco de datos genealógicos. En estos casos es más fácil reconstruir la genealogía que relaciona a S con las personas F identificadas. Fijémonos que construimos la genealogía yendo hacia atrás en el tiempo pues buscamos los antepasados comunes. También existen dificultades adicionales (Greytak et al. 2019), como por ejemplo que para cada grado de parentesco existen distintas relaciones posibles. Se ha visto también que la cantidad de DNA compartido en una misma relación de parentesco puede variar según la población humana. Finalmente, existen familias donde a lo largo de su historia se han producido múltiples vínculos matrimoniales entre miembros emparentados entre sí, complicando la elaboración de su árbol genealógico.

Una vez se conoce el ancestro común más cercano hay que reconstruir de manera completa la genealogía de todos los descendientes, desde dicho antepasado, pasando por todas las generaciones, hasta los individuos actuales. Se debe recordar que dichas personas actuales habitualmente pertenecerán a dos, tres o hasta cuatro generaciones diferentes. Uno de dichos descendientes actuales es nuestro sospechoso. De todo el proceso de la búsqueda familiar de largo alcance ésta es la parte más laboriosa y queremos hacer notar que se realiza la construcción de la genealogía yendo hacia adelante en el tiempo, es decir desde el antepasado común hasta llegar a todos los descendientes actuales (Figura 7). Es lo que se conoce técnicamente como el análisis de la descendencia o genealogía inversa.

Figura 7. A partir del antepasado común hay que reconstruir toda la genealogía hasta llegar a todos los descendientes actuales (en este esquema se llega hasta la sexta generación). En este caso se va averiguando el sexo de los individuos que componen la genealogía. El árbol genealógico completo puede implicar miles de personas con diferentes vínculos de apareamiento y de descendencia. En esta figura no se representa en su totalidad sino lo esencial para entender la búsqueda de largo alcance. Lo puntos suspensivos substituyen en el árbol a todas las personas y sus respectivos vínculos. La flecha indica la dirección de la reconstrucción genealógica (denominada análisis de la descendencia o genealogía inversa).



De todos modos, existe información proveniente de otras fuentes que puede facilitar el trabajo. Ya hemos comentado que muchas personas incluyen detalles sobre sus familiares más próximos cuando entran su información en el banco de datos. Además, en los Estados Unidos, existen grandes colecciones de registros censales con datos útiles para la reconstrucción del árbol genealógico familiar que queremos construir (sexos, fechas y los lugares de nacimiento, de matrimonios o de defunciones). Sin embargo, a veces no existe la información completa y la presencia de adopciones no registradas, paternidades mal atribuidas y situaciones similares generan también muchas dificultades. Otra dificultad es si parte de la familia proviene o se ha desplazado en algún momento a otro país, donde conseguir información puede ser difícil.

#### 2.4 Generación de posibles sospechosos y selección de los mismos

Una vez se obtienen los individuos actuales que están emparentados familiarmente con el sospechoso gracias a un ancestro común, hay que deducir cuál de ellos puede serlo. Como es fácil imaginar la cantidad de personas de la generación actual (o generaciones actuales) que podrían ser de entrada nuestro sospechoso es muy grande (Greytak et al. 2018, 2019; Scudder et al. 2019). Por ejemplo, cuando se detecta una coincidencia entre primos terceros se estima, a partir de simulaciones, que el número de posibles candidatos a ser el sospechoso estaría alrededor de 850 (Erich et al. 2018). Por esta razón es necesario llevar a cabo una serie de filtros o descartes para ir reduciendo la lista de candidatos. El primer nivel de filtrado o descarte es por el criterio del sexo, ya que éste puede conocerse a partir del DNA del sospechoso recuperado en el lugar de los hechos. Por este motivo, en principio la lista se reducirá aproximadamente a la mitad. Otro criterio de selección es la edad de los candidatos. En función del periodo en el que se produjo el delito (o delitos si se trata de un delincuente en serie) se pueden excluir candidatos debido a que sus edades no son compatibles con la fecha en que se cometió (o cometieron). Por último, otro criterio de selección es la localización del candidato respecto al lugar de los hechos. Se ha visto que por lo general el sospechoso acostumbra a residir en un radio máximo de unas 100 millas (unos 160 km.) del lugar donde se produjo el delito. Estos procedimientos permiten reducir substancialmente la lista hasta unos 16-17 candidatos (Erich et al. 2018). Estos pueden investigarse policialmente y llegar hasta 1 o 2 individuos. El último paso es siempre la comparación directa del perfil genético basado en el DNA del candidato (o candidatos) final y el del sospechoso.

De manera adicional, el DNA del sospechoso recogido en el lugar de los hechos puede dar información sobre su aspecto externo y facilitar la selección de los candidatos. Cuando en 1997 el *National DNA Advisory Board* de los Estados Unidos estaba seleccionando los STR para constituir el sistema CODIS<sup>16</sup>, se decidió que evitar que alguno de ellos pudiese dar información sobre las características visibles de las personas o sobre su etnicidad (Krimsky y Simoncelli 2011). Sin embargo, poder deducir el aspecto de un sospechoso en base a sus rasgos étnicos y a sus características externas ha sido un tema que se ha trabajado mucho en estos últimos años, buscando SNP que puedan proporcionar una predicción sobre dichas características. (Kayser y Knijff 2011; Walsh et al. 2011; Mestres y Vives-Rego 2012a; Wurmbach 2014; Freire-Aradas et al. 2019). En nuestro país, este tipo de análisis facilitó la resolución del caso Eva Blanco (Álvarez de Neyra 2018). Por último, otra fuente de información para discriminar a los candidatos es si existe algún testigo ocular que pueda facilitar algún detalle de su aspecto físico.

### 3. Ejemplos de casos resueltos mediante este tipo de búsquedas

Para entender los detalles sobre el funcionamiento de las búsquedas de largo alcance pensamos que es interesante mostrar algunos casos resueltos con éxito. Hay que recordar que además de resolver casos criminales estas búsquedas han permitido exonerar algunas personas injustamente condenadas e identificar personas desaparecidas. Finalmente, aunque no lo abordaremos aquí, hay que tener presente que uno de los objetivos fundacionales de GEDmatch era el de encontrar los padres biológicos de personas adoptadas.

#### 3.1 El caso "Golden State Killer"

La resolución de este caso merece un puesto destacado por ser el primero en el que se usó la búsqueda familiar de largo alcance<sup>17</sup>. Se trataba de un ladrón, violador y asesino en serie que estuvo actuando en el estado de California entre 1973 y 1986, pero fue cambiando de zonas de actuación, por lo que recibió diferentes apodos ya que se suponía que se trataba de personas diferentes.

<sup>16</sup> CODIS es la abreviación de "Combined DNA Index System". Este término hace referencia a dos cosas: a los STR que se aceptaron por el FBI para la obtención de los perfiles genéticos y también al banco nacional de datos de perfiles genéticos de los Estados Unidos. Nuestro país usa también los mismos STR del sistema CODIS.

<sup>17</sup> Información detallada sobre dicho caso puede encontrarse en: Fuller y Hauser (2018), Stanton et al. (2018) y Wickenheiser (2019).

En 2001 se pudo descubrir que se trataba del mismo individuo, principalmente por su *modus operandi*.

Los procedimientos clásicos de búsqueda basados en el DNA no habían dado ningún resultado y fue entonces cuando se pensó en realizar esta nueva aproximación analítica. La responsable fue la reconocida genealogista Barbara Rae-Venter, doctora en Biología por la Universidad de California en San Diego. Ella se dedicaba a la reconstrucción genealógica de su familia y había colaborado con la policía en diferentes casos desde 2015. El inspector Paul Holes, que llevaba años trabajando en caso Golden State Killer, contactó con ella en marzo de 2017. El equipo policial pudo extraer DNA del sospechoso a partir de las muestras recogidas en algunos de los lugares de los hechos y que se conservaban. Con dicho material genético pudo obtenerse un perfil genético compatible con el que se usa en los bancos de datos genealógicos. Dicho perfil fue incorporado al banco de datos de GEDmatch y se empezó la búsqueda. Por este procedimiento se pudo identificar a un familiar lejano y encontrar el antepasado común, un trastatarabuelo<sup>18</sup>. A partir de aquí la reconstrucción hacia la actualidad de la genealogía donde estaría el sospechoso fue muy complicada. Se tuvo que utilizar predicciones basadas en el DNA sobre su origen étnico y aspecto externo. Los estudios sobre etnicidad tendían a indicar un posible origen italiano. Una vez se tuvo la idea de que Joseph James DeAngelo, antiguo policía, podía tratarse del asesino del 'Golden State' se obtuvo su DNA de manera encubierta y se comparó su perfil genético con el obtenido a partir de la muestra recogida en el lugar de los hechos. Se observó que coincidían con lo que se confirmó la identidad del autor de los hechos. DeAngelo fue arrestado el 24 de abril de 2018. Este caso tuvo una gran repercusión mediática y ha estimulado la investigación en la genética genealógica y la genómica forense.

<sup>18</sup> Se trata de un padre o una madre de un tatarabuelo o tatarabuela. Cada persona tiene 32 trastatarabuelos. La nomenclatura en lengua inglesa es más sencilla, ya que a partir de 'grandparent' (abuelo/abuela), para citar a cada generación anterior se le añade un 'great'. Así, un trastatarabuelo en inglés se denomina 'great-great-great-grandparent'.

### 3.2 El caso del doble homicidio en el condado de Snohomish (Washington)

Se trataba de un caso abierto que se remontaba a 1987<sup>19</sup>. Una pareja de jóvenes canadienses, Jay Cook y Tanya van Cuylenborg, entraron a los Estados Unidos desde British Columbia en su viaje hacia Seattle. Se les vio por última vez tomando el ferry con destino a la ciudad de Bremerton. Al no volver a casa en la fecha prevista y tampoco tener noticias suyas, las familias se alarmaron y notificaron su desaparición. Pocos días después se encontró el cuerpo de Tanya, que había sido violada y asesinada. También se localizó la furgoneta, en cuyo interior se encontraron bridas de plástico del mismo tipo que las utilizadas para atar a la chica. Dos días después se encontró el cuerpo de Jay a unos 90 km de donde estaba el cuerpo de Tanya y se averiguó que fue golpeado y estrangulado. De la furgoneta pudo obtenerse el DNA y conocer el perfil genético del sospechoso, que no constaba en ningún banco de datos policial. En 2018, con la ayuda de la compañía Parabon NanoLabs<sup>20</sup>, se obtuvo un nuevo perfil genético (basado en SNP), se introdujo en GEDmatch y se detectaron dos concordancias, pero no relacionadas entre sí, indicando que provendrían de las dos ramas de la familia del sospechoso (paterna y materna). Se pudo llegar hasta los antepasados comunes por ambas ramas familiares y, a partir de ellos, se construyó el árbol genealógico hasta los individuos actuales. Se pudo establecer que el sospechoso era William E. Talbot II, un camionero sin antecedentes delictivos. Con esta información los detectives del caso recogieron un vaso de papel que él había utilizado y tirado. Del borde de dicho vaso fue posible extraer y analizar su DNA. Usando marcadores STR comprobaron que su perfil genético coincidía con el del sospechoso. Este fue el primer caso donde un acusado fue condenado por un tribunal después de haber sido identificado mediante una búsqueda familiar de largo alcance (Syed et al. 2019).

### 3.3. El caso Genevieve "Jenny" Zitricki

El interés del mismo radica en que el sospechoso fue identificado después de muerto. Genevieve Zitricki era una mujer de 28 años que trabajaba como programadora de sistemas en la compañía Michelin<sup>21</sup>. Era una persona activa, atlética y se había divorciado hacía poco. Vivía sola en su apartamento en la localidad de Greenville (Carolina del Sur). El día 4 de abril de

1990 un desconocido entró en su casa seguramente mientras dormía. Fue violada, brutalmente golpeada y estrangulada. El cuerpo fue arrastrado hasta el baño dejando un reguero de sangre, puesto dentro de la bañera y cubierto de agua. Dos días después un empleado de mantenimiento encontró el cadáver. La inspección del escenario demostró que no se había producido ningún robo y que el asaltante había limpiado las superficies del baño. El análisis de DNA realizado en 2006 no permitió identificar al autor, pero sí saber que se trataba de la misma persona que había matado a una madre y a su hija en 1998 en Missouri. En 2017, y también mediante análisis de DNA, se le pudo relacionar con la violación de una niña de 14 años de Memphis (Tennessee). Ese mismo año la policía de Greenville solicitó ayuda a la compañía Parabon NanoLabs para que realizase una búsqueda familiar de largo alcance. El estudio genealógico condujo hasta Robert E. Brashers, un asesino que ya había estado varias veces en prisión por delitos violentos. Dicho individuo no estaba vivo. En 1999 se había suicidado de un disparo durante un enfrentamiento con la policía en un motel de Kennett (Missouri) donde retenía a su mujer, su hija y sus dos hijastras. Con la información en la búsqueda de largo alcance se solicitó un permiso judicial para exhumar su cuerpo y poder analizar su DNA y compararlo con el perfil genético recuperado de los diferentes escenarios de sus fechorías. La comparación de perfiles genéticos demostró, casi treinta años después, que Brashers era el autor de la muerte de Zitricki y también de los otros casos relacionados mediante el DNA. Saber con certeza quién había sido el responsable permite, transmitir a la sociedad dos mensajes de trascendencia social y jurídica. El primero es que los métodos forenses actuales utilizados por cuerpos policiales expertos llevan cada vez con más eficiencia a la resolución de los delitos y a mostrar a todo el mundo quien ha sido el criminal. Este último elemento constituye una fuerza disuasoria crucial a fecha de hoy. El otro mensaje básico es que la colaboración de la ciudadanía con los cuerpos de seguridad del Estado es de gran utilidad para la administración de la Justicia y constituye un derecho y un deber para todos los miembros de la sociedad. Además, en este caso en concreto se obtuvo la certeza que el responsable no estaba en libertad y por tanto se garantizaba que no volviese a cometer más delitos Este

<sup>19</sup> Para más información sobre este caso recomendamos las siguientes publicaciones: Greytack et al. (2019), Dickson (2019), Murphy (2019) y Shapiro (2019).

<sup>20</sup> Parabon NanoLabs, sita en Reston (Virginia), es una empresa dedicada a desarrollar nanofármacos, terapias para cáncer, vacunas sintéticas, predicciones del aspecto de personas a partir de su DNA, y presta servicios forenses a

fuerzas policiales, como el obtener retratos robot de personas o realizar búsquedas familiares de largo alcance. De hecho, es subsidiaria de Parabon Computation, empresa dedicada a la producción de *software*. Su página web es: <https://parabon-nanolabs.com/> (consultada el 1 de mayo 2021).

<sup>21</sup> Para información adicional sugerimos consultar: Gilreath (2018) y Gross et al. (2018).

hecho, de por sí solo tranquiliza a la sociedad y valora muy positivamente el trabajo de las fuerzas policiales.

### 3.4 El caso Angie Dodge

Aquí mostraremos como las búsquedas de largo alcance no sólo sirven para descubrir sospechoso de actos delictivos, sino que pueden ser útiles para conseguir exoneraciones de personas erróneamente condenadas. El DNA ha sido un elemento primordial para poner de manifiesto decisiones judiciales que no eran correctas y por tanto hacer posible la exoneración de personas acusadas y condenadas por delitos que no había cometido (Michaelis et al., 2008; Belaza 2009; Peirón 2009; Parks 2010; Mestres y Vives-Rego 2012b; Grissom 2016). También existen en nuestro país ejemplos de reclusos exculpados mediante el DNA (Brunet 2010; Tarín 2012). Muchos encarcelados piensan que, si se reabre su caso y no se encuentra su DNA en las pruebas que se conservan, lograrán la exoneración. Este razonamiento no es correcto, ya que para ser exculpado hace falta demostrar que el autor de los hechos fue otra persona. A continuación, con el caso Angie Dodge, mostraremos como una búsqueda de largo alcance permitió la exoneración de un individuo juzgado y condenado erróneamente al poderse demostrar que otra persona fue la autora de los hechos<sup>22</sup>.

Angie Dodge tenía 18 años, acababa de graduarse y se independizó, yendo a vivir sola a un apartamento en Idaho Falls. El día 13 de junio de 1996, unas tres semanas después de empezar su nueva vida, no fue a trabajar. Una compañera fue a su casa para saber que le había pasado y la encontró muerta. La policía observó que había sido violada y asesinada mediante múltiples puñaladas. Se obtuvieron muchas muestras de DNA, incluyendo las procedentes del semen del supuesto agresor. Sin embargo, su perfil genético no permitió identificarlo. Unos meses después los investigadores pensaron estar sobre una buena línea de investigación al conocer que un amigo de Angie, Benjamin Hobbs, había sido detenido en Nevada por violar a una mujer amenazándola con un cuchillo. Entre su grupo de amigos estaba Cris Tapp que era de Idaho Falls. La policía lo interrogó exhaustivamente y éste cambió varias veces su versión de lo sucedido. En enero de 1997 confesó haber estado en el apartamento de Angie

Dodge junto con Hobbs y otro hombre desconocido. Se analizó su DNA y el de Hobbs observando que ninguno de sus perfiles genéticos concordaba con el del semen recogido en el apartamento. Hobbs no fue imputado, mientras que Tapp fue juzgado y condenado a un mínimo de 30 años de cárcel. La madre de Angie Dodge estaba convencida de que Tapp no era el asesino y durante años estuvo insistiendo a la policía de quien mató a su hija estaba libre y que las pruebas de DNA acabarían por descubrirlo. En 2014 la policía preparó una nueva estrategia: mediante una orden judicial buscarían el perfil genético del sospechoso en base a marcadores genéticos del cromosoma Y<sup>23</sup> en el banco de datos de genealogías Ancestry.com<sup>24</sup>. Se obtuvo una concordancia parcial (pero bastante completa) para unos 41 sospechosos, y la investigación se centró en Michael Usry, residente en Nueva Orleans. El motivo era que había hecho viajes al estado de Idaho y había pasado por Idaho Falls. Además, era cineasta y en una de sus películas aparecía una chica que era asesinada de manera brutal. Se obtuvo su DNA y su perfil genético no coincidía con el del sospechoso, lo que demostró que se trataba de una línea de investigación incorrecta.

Unos años después, en 2018, la policía de Idaho Falls, que gracias a que la madre de Angie Dodge seguía con la idea de que el DNA sería la clave para resolver el caso, pidió ayuda a Parabon NanoLabs. A pesar de que el DNA de las muestras originales estaba muy degradado, se pudo obtener el tipo de perfil genético requerido para poder introducirlo en el banco de datos de GEDmatch y realizar la búsqueda familiar de largo alcance. El estudio genético y genealógico permitió detectar seis candidatos, de los cuales uno había vivido en 1996 en Idaho. De manera encubierta se pudo obtener su DNA, pero no coincidía con el del sospechoso del asesinato de Angie Dodge. Se pensó que seguramente los genealogistas habían pasado algún detalle por alto. Unos meses después reanalizando los árboles genealógicos y los registros documentales se detectó un caso de divorcio con un hijo que no se había observado en el primer estudio. Este hijo era Brian Leigh Dripps Sr. En 1996 vivía en Idaho Falls. La policía lo siguió y recogió una colilla que tiró, a partir de la cual se pudo extraer el DNA y obtener su perfil genético. Está si coincidía con el sospechoso que hacía años que

<sup>22</sup> Detalles adicionales sobre el caso pueden encontrarse en: Bishop (2019), Swenson (2019) y Halaban et al. (2021)

<sup>23</sup> Los marcadores del cromosoma Y se heredan exclusivamente por vía paterna. No permiten identificar individuos concretos, pero sí grupos de personas emparentadas a nivel de linaje paterno. En grupos humanos pequeños pueden ser muy útiles para identificar la familia de un sospechoso, pero para poblaciones grandes pueden ser muy inespecíficos. Para más información recomendamos la

consulta de Butler (2005), Kayser y Ballantyne (2014) y Pereira y Gusmão (2019).

<sup>24</sup> Ancestry.com es una compañía fundada en 1990 y que tiene su sede en Lehi (Utah). Opera una red enorme de registros históricos y genealógicos, a la vez que se relaciona con páginas web dedicadas a las genealogías genéticas. Es de las mayores empresas destinadas a estos servicios ([www.ancestry.com](http://www.ancestry.com) consultada el 30 abril 2021).

andaban buscando y Dripps fue arrestado (2019). Entonces se supo que en 1996 había vivido en la misma calle que Angie Dodge. En febrero de 2021 reconoció su culpabilidad respecto a la violación y el asesinato. Con esta información fue posible exonerar a Cris Tapp. Éste reside en la actualidad en Idaho Falls y a finales de 2019 presentó una demanda por daños y perjuicios por los años pasados en prisión.

### 3.5 El caso de la “Chica de ante”

Con este ejemplo mostraremos como este tipo de búsquedas puede ser útil para identificar personas fallecidas de las que no se conocía su identidad. El 25 de abril de 1981 tres jóvenes descubrieron el cuerpo de una chica pelirroja en una zanja en Troy (Ohio)<sup>25</sup>. Les llamó la atención que estaba vestida con un poncho de ante, de allí el nombre del caso<sup>26</sup>. La policía inspeccionó el cuerpo, que estaba cuidadosamente colocado, y se observó que se trataba de una chica joven (entre 18 y 26 años), bien vestida y arreglada, estaba descalza pero sus pies indicaban que no había caminado sin calzado, no llevaba joyas ni documentación. No parecía ni una vagabunda ni una prostituta. La autopsia reveló que había muerto unos dos días antes de ser encontrada, siendo golpeada y estrangulada, pero no presentaba signos de agresión sexual. Se obtuvieron sus huellas dactilares, pero no permitieron su identificación. Su retrato robot fue difundido por los medios de comunicación sin resultado. La policía supuso que no habitaba en el estado de Ohio y que estaba de paso. Al no obtener más información se convirtió en una Jane Doe<sup>27</sup> y con esta denominación fue sepultada. En 2001 el *Miami Valley Regional Crime Laboratory* pudo obtener su perfil genético, a partir del DNA que pudo extraerse de una muestra de su sangre que se conservaba. Fue introducido en el banco de datos de los Estados Unidos (CODIS), pero no se obtuvo ninguna concordancia. En 2008 su perfil genético y dental junto con sus huellas dactilares se introdujeron en el banco de datos humanitario *National Missing and Unidentified Persons System (NamUs)* creado para poder identificar personas desaparecidas. Esta búsqueda tampoco dio resultados positivos. Un año después su perfil genético respecto

DNA mitocondrial<sup>28</sup> fue introducido en el banco de datos policial CODIS pero otra vez sin éxito. En 2017, en una reunión de la *American Academy of Forensic Sciences* una antropóloga forense de Ohio (Elizabeth Murray), que había trabajado el caso, estuvo conversando con las fundadoras del *DNA Doe Project*<sup>29</sup> (Colleen Fitzpatrick y Margaret Press) sobre la posibilidad de utilizar la genealogía genética para identificar a la “Chica de ante”. Con la ayuda del *Miami Valley Regional Crime Laboratory* se volvió a extraer otra vez DNA de la sangre que se conservaba y aunque estaba muy degradado se pudo conseguir un perfil genético suficiente y se introdujo en GEDmatch. En él fue posible detectar un primo de la “Chica de ante” y el *DNA Doe Project* indicó las señas de dicho familiar a la policía. Este primo donó voluntariamente su DNA y se comprobó su vínculo familiar. La “Chica de ante” era Marcia Lenore King, tenía 21 años cuando murió, y era natural de Little Rock (Arkansas). En 1980 decidió marcharse y por ello su familia nunca denunció su desaparición. En el lugar donde se encuentra enterrada la familia decidió cambiar la lápida por una nueva con su nombre verdadero.

A fecha de hoy no se conoce quien la mató. La policía había seguido diferentes pistas y la hipótesis más aceptada es que fue la primera víctima de un asesino en serie, no identificado, que habría actuado en Ohio hasta 2004. Se supone que se trataba de un caminero. Mataba a sus víctimas mediante golpes o estrangulamiento y sus cuerpos no presentaban joyas ni calzado. En 2018, una vez identificada Marcia King, el Departamento de Policía de Miami County (Ohio) pudo reconstruir los movimientos de la chica unos días antes de su muerte y así tratar de conseguir alguna nueva pista sobre su asesinato. En 2020 la oficina del Sheriff de dicho condado anunció que se estaban analizando unos cabellos encontrados junto al cuerpo de Marcia King para obtener el perfil genético del sospechoso, suponiendo que dichos cabellos fuesen suyos. De manera que el caso sigue abierto.

<sup>25</sup> Para más información respecto al caso se puede consultar a: Schaefer y Sullivan (2018), Winsor (2018) y Vallieu (2020)

<sup>26</sup> El caso de la “Chica de ante” también recibe el nombre de “Miami County Jane Doe”.

<sup>27</sup> Jane Doe es una denominación genérica para referirse a una mujer cuya identidad es desconocida. La versión masculina es John Doe. En lengua castellana, los términos ‘fulano’ o ‘mengano’ (con sus respectivas formas femeninas) serían en cierta manera sus equivalentes.

<sup>28</sup> Ya hemos comentado al inicio del artículo que las mitocondrias celulares contienen su propio DNA. Este se hereda exclusivamente por vía materna. A veces puede ser muy útil para identificar personas. Para mayor información sobre dicho marcador recomendamos: Butler (2005), Goodwin et al. (2007), Holland y Lauc (2014) y López Soto (2019).

<sup>29</sup> DNA Doe Project es una organización sin ánimo de lucro cuyo fin es identificar a personas desaparecidas (John y Jane Does) utilizando el DNA. Su página web es: <https://dnadoeproject.org/> (consultada el 1 de mayo 2021).

#### 4. Puntos fuertes y débiles en la utilización de las búsquedas familiares de largo alcance

Es de destacar que las búsquedas de largo alcance han tenido éxitos notables en relativamente pocos años resolviendo una extensa serie de casos criminales que estaban abiertos (Greytack et al. 2019; Arnold 2020)<sup>30</sup>. También se han conseguido muchas identificaciones de personas desaparecidas<sup>31</sup>. Sin duda alguna poder identificar al sospechoso de un acto criminal acaecido muchos años atrás es un triunfo para el estamento policial y judicial que refuerza su trascendencia en la sociedad actual. Lo es también para la sociedad, que puede sentirse cada vez más protegida a la vez que avanza en la percepción de que puede hacerse y se hace Justicia. También es un toque de atención para los criminales, ya que nunca podrán sentirse seguros ni tranquilos, porque en el peor de los casos y aunque hayan transcurrido muchos años, serán finalmente detenidos y juzgados. Por tanto, estas búsquedas tienen un efecto reconfortante para la sociedad y disuasorio para los delincuentes.

Sin embargo, las búsquedas de largo alcance no siempre funcionan, ya que existen diversas dificultades técnicas, algunas de las cuales ya se han mencionado. En primer lugar, deben conservarse muestras biológicas del sospechoso para poder extraer de nuevo el DNA y analizarlo para los marcadores adecuados para la búsqueda (SNP). Muchas veces no existen o el DNA está muy degradado. La destrucción progresiva del DNA es un proceso natural, que puede limitarse si la molécula se mantiene en ambientes fríos y secos. En algunos de los casos que se han comentado, el DNA estaba degradado, pero había suficiente para poder obtener suficientes SNP para la buscar fragmentos homólogos entre los del sospechoso y los de las personas depositados en un banco de datos genealógicos. Al ser muestras antiguas puede ser que estén contaminadas involuntariamente por los oficiales de policía que examinaron y recogieron las muestras en el lugar de los hechos. Hay que recordar que las precauciones actuales para no contaminar las muestras con el DNA del investigador (guantes, trajes, polainas, gafas, etc.) son relativamente recientes. En algunos casos puede ser que ya no se pueda extraer más DNA pero que se guarde el perfil genético del sospechoso basado en los STR. Actualmente se está trabajando a

nivel genético en tratar de identificar equivalencias entre fragmentos cromosómicos definidos por STR y SNP. Ello permitiría realizar las búsquedas en los bancos de datos genealógicos conociendo únicamente el perfil genético para los STR del sospechoso. Por este procedimiento se ha visto que parejas progenitor/descendiente pueden identificarse en un 30-32% de los casos si uno presenta un perfil genético en base a STR y el otro en SNP. Para parejas de hermanos este porcentaje estaría entre el 35-36% (Kim et al. 2018). Son porcentajes de identificación bajos y se trata solamente de familiares de primer grado.

La búsqueda en un banco de datos genealógico puede ser que no detecte concordancia para ningún fragmento. En estos casos puede repetirse la búsqueda al cabo de algún tiempo, ya que dicho banco irá creciendo constantemente ya que nuevas personas aportarán sus perfiles genéticos al mismo. Alguna vez puede haber alguna concordancia de fragmentos al azar entre personas sin relación familiar. Esta situación es rara por el tamaño de los segmentos cromosómicos que se buscan, pero no se puede descartar.

Compleja es también la reconstrucción de la genealogía hasta llegar a los individuos actuales entre los cuales ha de estar el sospechoso. A parte de la información genética se necesitan otros registros documentales para conocer los nombres de las personas implicadas y sus vínculos de pareja y descendencia. Ya se han comentado muchas de las complicaciones más corrientes cuando se lleva a cabo la reconstrucción del árbol genealógico completo de la familia. Finalmente, debe realizarse la selección de los candidatos hasta quedarse con pocos o uno solo. La investigación policial es entonces fundamental para conseguir una identificación positiva o una exclusión del candidato.

Además, las búsquedas de este tipo pueden estar sesgadas porque la mayoría de las personas que han incorporado su perfil genético a un banco de datos genealógico son de etnicidad caucásica, luego la búsqueda dará resultados positivos si el sospechoso pertenece a este grupo étnico. Por tanto, una proporción de sospechosos pertenecientes a otras etnicidades no podrán ser descubiertos. Es de suponer que, con el paso de los años, cada vez habrá más perfiles genéticos incorporados y que también serán de personas pertenecientes a otros grupos étnicos.

<sup>30</sup> Una relación hasta el momento de casos resueltos por este procedimiento puede obtenerse en la página web: [https://en.wikipedia.org/wiki/List\\_of\\_suspected\\_perpetrators\\_of\\_crimes\\_identified\\_with\\_GEDmatch](https://en.wikipedia.org/wiki/List_of_suspected_perpetrators_of_crimes_identified_with_GEDmatch) (consultada el 4 de mayo 2021). En particular, información en los que ha colaborado la compañía Parabon Nanolabs se encuentra en: [https://en.wikipedia.org/wiki/Parabon\\_NanoLabs#Genetic\\_genealogy](https://en.wikipedia.org/wiki/Parabon_NanoLabs#Genetic_genealogy) (consultada el 4 de mayo 2021).

<sup>31</sup> Una lista de las identificaciones conseguidas por el *DNA Doe Project* puede obtenerse en: [https://en.wikipedia.org/wiki/DNA\\_Doe\\_Project](https://en.wikipedia.org/wiki/DNA_Doe_Project) (consultada el 4 de mayo 2021). La compañía Parabon Nanolabs también ha participado en casos de identificación de personas desaparecidas [https://en.wikipedia.org/wiki/Parabon\\_NanoLabs](https://en.wikipedia.org/wiki/Parabon_NanoLabs) (consultada el 4 de mayo 2021).

Por último, hay un aspecto fundamental y es que para las búsquedas de largo alcance hace falta un banco de datos con miles o millones de perfiles genéticos para realizar genealogías genéticas. Actualmente, este tipo de bancos no existe en España. Pero si es cierto que cada vez más personas contactan con compañías que hacen estudios genómicos y realizan predicciones sobre temas de origen étnico de los ancestros o de salud.

##### 5. Breves consideraciones sociales, éticas y legales

Extraer el DNA del genoma de una persona para analizar sus SNP puede generar mucha información sobre cómo es esa persona en concreto. Ya hemos visto que muchas empresas realizan este servicio y dan estimas sobre el posible origen étnico de los ancestros, la predisposición a enfermedades, los tipos de alimentos o fármacos más adecuados, etc. Nos gustaría dejar muy claro que los genes, por ellos mismos, no determinarán con certeza absoluta como será una persona (Mestres 2012)<sup>32</sup>. La Genética es una ciencia donde su primera regla es que el aspecto para una característica de una persona (el fenotipo) depende del material genético que lo controla (el genotipo, que puede ser un gen o muchos) y del ambiente (definido como cualquier factor que afecte al aspecto de la característica y no sea genético). Conociendo los genes de una persona podremos estimar (es decir tendremos una cierta probabilidad) de saber su aspecto para la característica estudiadas. Una persona puede tener un contenido genético (genotipo) que le predispondrá a ser alto, pero si su alimentación es deficiente (ambiente) no tendrá una estatura elevada (fenotipo). Esta regla fundamental vale para la gran mayoría de las características de los humanos. Los caracteres de la personalidad dependen en cierta proporción de los genes, pero también del ambiente familiar, escolar, social, laboral, etc. El desarrollo del cerebro durante la adolescencia es clave para modelar la personalidad (Sánchez et al. 2014). Podemos tener predicciones para muchas características, pero nunca tendremos la certeza de cómo es o cómo va a comportarse una persona. Sin embargo, estas predicciones y estimas sobre las características generales de una persona pueden ser importantes para buscar trabajo si el empleador las conoce o para poder ser asegurado por una compañía, si ésta está en posesión de información privilegiada del futuro cliente. Por tanto, la información de los genomas es un tema sensible tanto socialmente como éticamente, lo que ineludiblemente exige analizar los valores morales relativos a la privacidad y su correspondiente protección legal.

Las búsquedas de largo alcance implican analizar un número ingente de genomas de persona individuales, ajenas a actos delictivos, y que deben estar protegidas. Su información sobre características fundamentales no debería ser accesible. Se han establecido algunos mecanismos de protección de la privacidad en las búsquedas en bancos de datos de genealogías (Gretack et al. 2018; Arnold 2020), pero el peligro de extraer información genética confidencial sigue existiendo. También hay que recordar que muchas compañías avisan de que la información genética que guardan almacenada puede ser examinada por las fuerzas policiales si están en posesión de la correspondiente orden judicial. Es innegable que todos los procedimientos de búsqueda basados en el DNA tienen sus problemas éticos y legales (Linacre et al. 2007; Krimsky and Simoncelli 2011; Mestres y Zivanovic 2018), pero los que indagan en bancos de datos no policiales son mucho más delicados y sensibles ante la opinión pública. Por ejemplo, en el caso Angie Dodge, la utilización del banco de perfiles genéticos Ancestry.com produjo muchos comentarios respecto a que no era ética y afectaba la privacidad de las personas, a pesar de contar con una orden judicial (Mustian 2019). Otro punto controvertido es que muchas veces las fuerzas del orden solicitan la colaboración de empresas privadas, tal y como hemos visto en los casos tratados como ejemplos. Por tanto, no son funcionarios policiales los que indagan en ese tipo de bancos de datos, sino empleados de una compañía. Estas situaciones están siendo objeto de estudio tanto desde la perspectiva moral, como jurídica y psicosocial.

Por todo ello, las búsquedas de largo alcance han recibido numerosas críticas por la invasión de la privacidad, los problemas éticos que genera y en ciertos casos su cuestionable legalidad (Arnold 2020). Es necesario llegar a un equilibrio entre la necesidad de identificar, arrestar y poder juzgar a un delincuente que ha causado delitos graves y no conculcar los derechos de los ciudadanos, pilar básico de las sociedades democráticas. Es interesante sin embargo conocer que piensa la opinión pública. Una encuesta realizada a 1.587 ciudadanos norteamericanos, mayoritariamente caucásicos, puso de manifiesto que la gran mayoría (cerca del 90%) estaba de acuerdo en las búsquedas de largo alcance para resolver casos de crímenes violentos, delitos contra menores o identificación de personas desaparecidas. Además, las mujeres eran significativamente más proclives a apoyar estas búsquedas que los hombres (Guerrini et al. 2018). No podemos entrar aquí en el debate de en qué medida

<sup>32</sup> Suponer que los genes determinarán sin ninguna duda como serán las características de las personas es un error conceptual grave, pero relativamente corriente en nuestra sociedad. Por

ejemplo, Elkins (2003) da por supuesto que a partir del DNA se puede saber con certeza el color de los ojos, cabello, etc. de un individuo. Su apreciación es incorrecta.

debe adaptarse la nueva jurisprudencia a las demandas sociales. Pero es obvio que el desarrollo de la forensia en todos sus ámbitos estimula demandas sociales que exigen una respuesta jurídica ya sea en un sentido u otro.

Por tanto, el tema es complejo y es importante que cada país genere la legislación correspondiente para reglamentar la realización de este tipo de búsquedas (Scudder 2019). Por ejemplo, el *US Department of Justice* ha publicado una guía para orientar a la policía respecto a de la genealogía genética forense (Arnold 2020). Se permitiría el uso de las búsquedas de largo alcance únicamente para delitos extremadamente violentos (violación o asesinato) y tan sólo cuando todos los otros procedimientos no hayan hecho posible la resolución del caso. También puntualiza un aspecto que ya hemos comentado: no se puede arrestar a un sospechoso con tan solo la información proporcionada por la genealogía. Antes de realizar la detención, hay que comprobar que el perfil genético del candidato identificado mediante la genealogía coincide con el del sospechoso obtenido del lugar de los hechos.

Por último, debemos mencionar que el caso del "Golden State Killer" volvió a traer a la luz la posibilidad de la creación de un banco universal de perfiles genéticos donde se incluirían los de toda la población (Hazel et al. 2018). Esta es una idea antigua que ya surgió cuando se creó el primer banco de datos policial basado en el DNA (Krimsky y Simoncelli) y es un anhelo de ciertos colectivos policiales y políticos. Evidentemente existen posiciones contrapuestas y el debate está servido (Dedrickson 2018; Smith 2018; Joly et al. 2019).

En un mundo en constante evolución y con un desarrollo tecnocientífico cada vez más veloz, la consolidación de la forensia en la Administración de la Justicia plantea dificultades teóricas que deben resolverse con la participación de los ámbitos tecnocientífico, político, económico, social y por supuesto jurídico.

## Bibliografía

- ALONSO, A. (2019), "Las bases de datos de ADN de interés forense" en Crespillo y Barrio (eds.): *Genética forense: del laboratorio a los tribunales*, Madrid: Ediciones Díaz de Santos, pp. 425-443.
- ÁLVAREZ DE NEYRA, S. (2018), "Los nuevos avances en la determinación genética. De las bases de datos al fenotipado forense. El caso de Eva Blanco", *Auctoritas Prudentium*, 18, pp. 1-29.
- ARNOLD, C. (2020), "Crime fighting with family trees", *Nature*, 585, pp. 178-181.
- ASPLEN, C. (2014), "DNA databases" en Primorac y Schanfield (eds.): *Forensic DNA applications: an interdisciplinary perspective*, Boca Raton (FL), USA: CRC Press, pp. 557-569.
- AYALA, F.J.; KIGER, J.A. (1984), *Genética moderna*, Barcelona: Editorial Omega.
- BELAZA, M.C. (2009), "Salvados por el ADN", *El País Semanal* 8 marzo 2009.
- BETTINGER, B.T.; WAYNE, D.P. (2016), *Genetic Genealogy in Practice*, Arlington (VA), USA: National Genealogical Society.
- BISHOP, S. (2019), "Police arrest Idaho man in 23-year-old cold-case murder of Angie Dodge", *ABC News*, 17 mayo 2019.
- BRUNET, J.M. (2010), "El Supremo absuelve a un condenado por violación, exculpado por su ADN", *La Vanguardia*, 3 febrero 2010.
- BUTLER, J.M. (2005), *Forensic DNA typing*, Burlington (MA), USA: Elsevier Academic Press.
- DEDRICKSON, K. (2018), "Universal DNA databases: a way to improve privacy?", *Journal of Law and the Biosciences*, 4, pp. 637-647.
- DICKSON, L. (2019), "Washington state man accused of killing Saanich couple won't face death penalty", *Times Colonist*, 21 noviembre 2019.
- ELKINS, L.A. (2003), "Five foot two with eyes of blue: physical profiling and the prospect of a genetics-based criminal justice system", *Notre Dame Journal of Law, Ethics & Public Policy*, 17, pp. 269-305.
- ERLICH Y.; SHOR, T.; PE'ER, I.; CARMI, S. (2018), "Identity inference of genomic data using long-range familial searches", *Science*, 362, pp. 690-694.
- FREIRE-ARADAS, A.; LAREU, V.; CARRACEDO, A. (2019), "Marcadores fenotípicos de interés forense", en Crespillo y Barrio (eds.): *Genética forense: del laboratorio a los tribunales*, Madrid: Ediciones Díaz de Santos, pp. 269-290.
- FULLER, T.; HAUSER, C. (2018), "Search for 'Golden State Killer' leads to arrest of ex-cop", *The New York Times*, 25 abril 2018.
- GILL, P. (2019), "DNA evidence and miscarriages of justice", *Forensic Science International*, 294, pp. e1-e3.
- GRANT, B. (2010), "Slime and punishment", *The Scientist*, March 2010, pp. 27.
- GREYTAK, E.M.; KAYE, D.H.; BUDOWLE, B.; MOORE, C.; ARMENTROUT, S.L. (2018), "Privacy and genetic genealogy data", *Science*, 361, pp. 857.

- GREYTAK, E.M.; MOORE, C.; ARMENTROUT, S.L. (2019), "Genetic genealogy for cold case and active investigations", *Forensic Science International*, 299, pp. 103-113.
- GOODWIN, W.; LINACRE, A.; HADI, S. (2007), *An introduction to Forensic Genetics*. Chichester, UK: John Wiley and Sons, Ltd.
- GRIFFITHS, A.F.J.; WESSLER, S.R.; LEWONTIN, R.C.; CARROLL, S.B. (2008), *Genética*, 9ª ed. Madrid: McGraw-Hill/Interamericana.
- GRISSOM, B. (2016), "2015 exonerations set record; Texas, with 54, had over one-third of total", *The Dallas Morning News*, 4 febrero 2016.
- GUERRINI, C.J.; ROBINSON, J.O.; PETERSEN, D.; MCGUIRE, A.L. (2018), "Should police have access to genetic genealogy databases? Capturing the Golden State Killer and other criminals using a controversial new forensic technique", *PLoS Biology*, 16, e2006906.
- HALABAN, B.; DORIAN, M.; EVANS, S.; COOK, C.; YAMADA, H. (2021), "Mom overturns wrongful convictions, catches true killer in daughter's murder 25 years later", *ABC News*, 13 marzo 2021.
- HAZEL, J.W.; CLAYTON, E.W.; MALIN, B.A.; SLOBOGIN, C. (2018), "Is it time for a universal genetic forensic database?", *Science*, 362, pp. 898-900.
- HEREDIA, S. (2003), "El fiscal pide que declaren nuevos testigos tras oír la declaración del acusado del Putxet", *La Vanguardia*, 7 octubre 2003, pp. 37.
- HOLLAND, M.M.; LAUC, G. (2014), "Forensic aspects of mtDNA analysis", en Primorac y Schanfield (eds.): *Forensic DNA applications: an interdisciplinary perspective*. Boca Raton (FL), USA: CRC Press, pp. 85-104.
- HOUCK, M.M.; SIEGEL, J.A. (2006), *Fundamentals of Forensic Science*, Burlington (MA), USA: Elsevier Academic Press.
- JEFFREYS, A.J. (2005), "Genetic fingerprinting", *Nature Medicine*, 11, pp. 1035-1039.
- JOLY, Y.; MARROCCO, G.; DUPRAS, C. (2019), "Risks of compulsory genetic databases", *Science*, 363, pp. 938-940.
- JOUVENAL, J. (2018), "To find alleged Golden State Killer, investigators first found his great-great-great-grandparents", *The Washington Post*, 1 mayo 2018.
- JOBLING, M.A.; GILL, P. (2004), "Encoded evidence: DNA in forensic analysis", *Nature Reviews Genetics*, 5, pp. 739-751.
- KAYE, D.H. (2010), *The double helix and the law of evidence*, Cambridge (MA) USA: Harvard University Press.
- KAYSER, M.; BALLANTYNE, K.N. (2014), "Y chromosome in forensic science", en Primorac y Schanfield (eds.): *Forensic DNA applications: an interdisciplinary perspective*. Boca Raton (FL), USA: CRC Press, pp. 105-133.
- KAYSER, M.; DE KNIJFF, P. (2011), "Improving human forensics through advances in genetics, genomics and molecular biology", *Nature Reviews Genetics*, 12, pp. 179-192.
- KIM, J.; EDGE, M.D.; ALGEE-HEWITT, B.F.B.; LI, J.Z.; ROSENBERG, N.A. (2018), "Statistical detection of relatives typed with disjoint forensic and biomedical loci", *Cell*, 175, pp. 848-858.
- KLING, D.; PHILLIPS, C.; KENNETT, D.; TILLMAR, A. (2021), "Investigative genetic genealogy: Current methods, knowledge and practice", *Forensic Science International: Genetics*, 52, 102474.
- KONG, A.; GUDBJARTSSON, D.F.; SAINZ, J.; JONSDOTTIR, G.M. et al. (2002), "A high-resolution recombination map of the human genome", *Nature Genetics*, 31, pp. 241-247.
- KRIMSKY, S.; SIMONCELLI, T. (2011), *Genetic Justice*, N.Y., USA: Columbia University Press.
- LÓPEZ SOTO, M. (2019), "Análisis de ADN mitocondrial", en Crespillo y Barrio (eds.): *Genética forense: del laboratorio a los tribunales*. Madrid: Ediciones Díaz de Santos, pp. 241-267.
- MARTÍNEZ, J. (1997), "Una estudiante que volvía de noche a casa muere apuñalada por la espalda", *El País*, 27 abril 1997.
- MESTRES, F. (2012), "La utilización del concepto de ADN en nuestra sociedad: tecnociencia, frases hechas y errores científicos", *Sociología y Tecnociencia*, 2, pp. 34-43.
- MESTRES, F.; VIVES-REGO, J. (2009a), "Genética forense: entre la tecnociencia y la imaginación", *Ludus Vitalis*, 17, pp. 447-450.
- MESTRES, F.; VIVES-REGO, J. (2009b), "La utilización forense de la huella genética (secuencia del ADN o ácido desoxirribonucleico): aspectos científicos, periciales, procesales, sociales y éticos", *La Ley Penal*, 61, pp. 46-61.
- MESTRES, F.; VIVES-REGO, J. (2009c), "Bancos y bases de datos genéticos para usos forenses", *Revista del Poder Judicial*, 89, pp. 239-263.
- MESTRES, F.; VIVES-REGO, J. (2012a), "Identificación de características forenses avanzadas a partir del ADN: etnogeografía, patología delictiva y morfoanatomía", *La Ley Penal*, 91, pp. 48-56.
- MESTRES, F.; VIVES-REGO, J. (2012b), "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, pp. 1-18.
- MESTRES, F.; VIVES-REGO, J. (2015), "Justicia y ciencia. Uniendo lo mejor de ambos mundos", *Revista Electrónica de Ciencia Penal y Criminología*, 17, pp. 1-12.
- MESTRES, F.; VIVES-REGO, J. (2016), "Justicia y Ciencia: avanzando para construir un mundo mejor", *Revista Inclusiones*, 3, pp. 10-27.
- MESTRES, F.; ZIVANOVIC, G. (2018), "Some applications of DNA databanks as an investigative tool for solving criminal cases". *Journal of Criminalistics and Law*, 23, pp. 233-250.
- MICHAELIS, R.C.; FLANDERS jr., R.G.; WULFF, P.H. (2008), *A litigator's guide to DNA. From the laboratory to courtroom*. Burlington (MA), USA: Elsevier Academic Press.
- MILLER, G. (2010), "Familial DNA testing scores a win in serial killer case", *Science*, 329, pp. 262.
- MILLS, E.S. (2018), *Professional Genealogy: Preparation, Practice & Standards*. Baltimore (MD), USA: Genealogical Pub. Co.
- MONTES, F. (2005), "El ADN en la investigación criminal", *Boletín del Instituto Universitario de Investigación sobre Seguridad Interior*. 1-10.

- MOORE, C. (2016), "History of genetic genealogy and unknown parentage research: An insider's view", *Journal of Genetic Genealogy*, 8, pp. 35-37.
- MURPHY, H. (2019), "Genealogy sites have helped identify suspects. Now they've helped convict one", *The New York Times*, 1 julio 2019.
- MUSTIAN, J. (2019), "New Orleans filmmaker cleared in cold-case murder; false positive highlights limitations of familial DNA searching", *The New Orleans Advocate*, 21 noviembre 2019.
- ORTEGA, P.; BARROSO, F.J. (2015), "Detenido en Francia el asesino de la joven Eva Blanco 18 años después", *El País*, 2 octubre 2015.
- PARKS, P.J. (2010), *DNA evidence and investigation*, San Diego (CA), USA: ReferencePoint Press, Inc.
- PEIRÓN, F. (2009), "Un hombre es exculpado tras 35 años en la cárcel", *La Vanguardia*, 19 diciembre 2009.
- PEREIRA, V.; GUSMÃO, L. (2019), "Análisis de marcadores STR de cromosoma Y", en Crespillo y Barrio (eds.): *Genética forense: del laboratorio a los tribunales*. Madrid: Ediciones Díaz de Santos, pp. 217-239.
- PIERCE, B.A. (2016), *Genética: un enfoque conceptual*, 5ª ed. Madrid: Médica Panamericana.
- SÁNCHEZ, X.; REDOLAR, D.; BUFILL, E.; COLOM, F.; VIETA, E.; BUENO, D. (2014), *¿Somos una especie violenta?*, Barcelona: Publicacions i Edicions de la Universitat de Barcelona.
- SCHAEFER, C.; SULLIVAN, M. (2018), "Victim in 1981 Miami Co cold case identified", *Dayton 24/Now*, 11 abril 2018.
- SCUDDER, N.; McNEVIN, D.; KELTY, S.F.; FUNK, C.; WALSH, S.J.; ROBERTSON, J. (2019), "Policy and regulatory implications of the new frontier of forensic genomics: direct-to-consumer genetic data and genealogy records", *Current Issues in Criminal Justice*, 31, pp. 194-216.
- SHAPIRO, E. (2019), "Signaling a 'new era' in forensic investigation, a man caught through genetic genealogy gets life in prison for 1987 double murder", *ABC News*, 24 julio 2019.
- SMITH, M. (2018), "Universal forensic DNA databases: Balancing the costs and benefits", *Alternative Law Journal*, 43, pp. 131-135.
- STANTON, S.; EGEL, B.; LILLIS, R. (2018), "Update: East Area Rapist suspect captured after DNA match, authorities say", *The Sacramento Bee*, 25 abril 2018.
- SYED, R.; McKEOWN, B.; ANDERSON, S. (2019), "Killer of Tanya Van Cuylenborg and Jay Cook gets 2 life sentences for 1987 murders", *CBC News*, 25 julio 2019.
- SWENSON, K. (2019), "Police twice targeted the wrong men for a brutal 1996 killing. A cigarette butt changed everything", *The Washington Post*, 17 mayo 2019.
- TARÍN, S. (2012), "El poder de un pelo", *La Vanguardia*, 19 noviembre 2012.
- VALLIEU, M. (2020), "New technology being used in 'Buckskin Girl' case", *Miami Valley Today*, 21 febrero 2020.
- WALSH, S.J.; CURRAN, J.M.; BUCKLETON, J.S. (2010), "Modeling forensic DNA database performance", *Journal of Forensic Sciences*, 55, pp. 1174-1183.
- WALSH, S.; LIU, F.; BALLANTYNE, N.K.; VAN OVEN, M.; LAO, O.; KAYSER, M. (2011), "IrisPlex: A sensitive DNA tool for accurate prediction of blue and brown eye colour in the absence of ancestry information", *Forensic Science International: Genetics*, 5, pp. 170-180.
- WICKENHEISER, R.A. (2019), "Forensic genealogy, bioethics and the Golden State Killer case", *Forensic Science International: Synergy*, 1, pp. 114-125.
- WINSOR, M. (2018), "Body of 'Buckskin Girl' found in Ohio in 1981 identified as Arkansas woman". *ABC News*, 12 abril 2018.
- WURMBACH, E. (2014), "Prediction of physical characteristics, such as eyes, hair and skin color based solely on DNA", en Primorac y Schanfield (eds.): *Forensic DNA applications: an interdisciplinary perspective*. Boca Raton (FL), USA: CRC Press, pp. 429-452.

