



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO

FACULTAD DE ESTUDIOS SUPERIORES

ZARAGOZA

“PROPUESTA PARA LA CREACIÓN DE UNA BASE DE DATOS DE ADN DIRIGIDA A LAS INSTITUCIONES DE PROCURACIÓN DE JUSTICIA”

T E S I S

Que para obtener el título de

B I Ó L O G A

PRESENTA:

RIOS CORTÉS OFELIA

Biól. YOLANDA SANTIAGO MORENO

Director

Mtro. ALFONSO M. LUNA VÁSQUEZ

Asesor



México, D.F., Octubre de 2011



Universidad Nacional
Autónoma de México



UNAM – Dirección General de Bibliotecas
Tesis Digitales
Restricciones de uso

DERECHOS RESERVADOS ©
PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL

Todo el material contenido en esta tesis esta protegido por la Ley Federal del Derecho de Autor (LFDA) de los Estados Unidos Mexicanos (México).

El uso de imágenes, fragmentos de videos, y demás material que sea objeto de protección de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente donde la obtuvo mencionando el autor o autores. Cualquier uso distinto como el lucro, reproducción, edición o modificación, será perseguido y sancionado por el respectivo titular de los Derechos de Autor.

AGRADECIMIENTOS

A mis padres, Fortunato y Celia, gracias por ser el pilar de mi vida, por darme la oportunidad de contar con ustedes, a pesar de todas las situaciones difíciles que hemos pasado, el amor, la confianza han logrado que los superemos juntos. A mi familia entera que me ha apoyado en cada momento, a mis hermanos Rogelio, Bertha, Patricia y Laura Inés que aunque te adelantaste sé que siempre contaré contigo cuidándome desde arriba. A mis sobrinos Karina, Melanie, Darien, Ian (mi hijo adoptivo), Kevin, los quiero a pesar de lo latosos, siempre estuvieron al tanto de mi avance.

A mi amor, el amor de mi vida Ricardo mi Rikis te agradezco todo el apoyo, el cariño incondicional que me has dado todos estos meses a tu lado, todo en conjunto ha sido el soporte de mi vida, sin ti no hubiera salido adelante en tantas situaciones en las que me daba por vencida, TE AMO; pronto formaremos una hermosa familia y seguiremos compartiendo nuestros logros, éxitos, seremos felices. Agradezco haberte conocido, y segura estoy que eres el indicado.

A mis mejores amigos, Mike, Dany y Ana, les agradezco todos los momentos maravillosos que he compartido con ustedes, enojos, regaños, risas, abrazos, apoyo; mejores personas no pude haber encontrado, nuestra amistad "mueganitos", es envidiable y durará por siempre, los quiero muchísimo.

A mi madre Yola, eres una excelente persona, amiga, maestra, directora de tesis, sin ti no hubiera sido posible este trabajo. Gracias por guiarme en el camino de la Genética Forense, por instruirme y darme las herramientas necesarias, por compartir conmigo tu gran inteligencia y tus conocimientos, por todos los consejos que me has dado, por permitirme ser parte de tu familia. Toda mi vida te estaré eternamente agradecida y te admiraré, Gracias mi Yolis.

Mtro. Alfonso Luna Vásquez, gracias por apoyarme y guiarme, le agradezco la paciencia y el tiempo que me brindó.

A mi gran amiga de toda una vida Rosario, indudablemente tu apoyo me ha sacado adelante, me has abierto los ojos muchas veces y no es para menos mi Psicóloga de cabecera, te quiero amiga. A todos y cada uno de mis amigos Esme, Diana, Mariana, Jorge, gracias por su amistad.

Finalmente y no menos importante, agradezco a todas las personas que en algún momento de mi vida han estado a mi lado (Rosa, Pogo, Fede, Brenda).

ÍNDICE

RESUMEN	1
INTRODUCCIÓN	2
1.- TIPIFICACIÓN DEL ADN (PERFIL GENÉTICO)	4
1.1.- Pasos en la obtención de un perfil Genético	6
2.- COMPARACIÓN DE PERFILES GENÉTICOS	10
3.- ASPECTOS POBLACIONALES DE LOS PERFILES GENÉTICOS	11
4.- BASES DE DATOS DE ADN	14
4.1.- ¿Qué es una base de datos de ADN?	14
5.- BASES DE DATOS DE ADN ALREDEDOR DEL MUNDO	17
5.1.- Base de datos de ADN Nacional del Reino Unido (National DNA Database, NDNAD)	17
5.1.1.- Medida del éxito de la NDNAD	20
5.2.- Sistema Indexado de ADN Combinado de los Estados Unidos (Combined DNA Index System Program, CODIS)	22
5.2.1.- Software CODIS	23
5.2.2.- Medida del éxito del CODIS	24
5.3.- Banco Nacional de Datos de ADN de Canadá, (National DNA Data Bank)	25
5.4.- Base Nacional de Datos de ADN de Investigación Criminal de Australia, (National Criminal Investigation DNA Database, NCIDD)	28

6.- BASE DE DATOS DE ADN EN MÉXICO	31
7.- ASPECTOS GENERALES A CONSIDERAR PARA LA CREACIÓN DE UNA BASE DE DATOS DE ADN.....	33
7.1.- Privacidad.....	34
7.2.- Retención de muestras.....	35
8.- VENTAJAS Y DESVENTAJAS DE UNA BASE DE DATOS DE ADN	37
8.1.- Ventajas.....	37
8.2.- Desventajas.....	40
9.- ASPECTOS ESTADÍSTICOS A RESOLVER CON UNA BASE DE DATOS DE ADN	41
9.1.- Casos de paternidad y maternidad	42
9.1.1.- Índice de Paternidad (IP) y Probabilidad de Paternidad (W)	44
9.2.- Índice de verosimilitud (Likelihood Ratio, LH) y estadística Bayesiana .	49
9.3.- Probabilidad de Coincidencia Aleatoria	53
10.- OBJETIVOS.....	55
10.1.- General:.....	55
10.2.- Particulares:.....	55
11.- MÉTODO	56
12.- PROPUESTA PRELIMINAR DE UNA BASE DE DATOS DE ADN FORENSE.....	58

12.1.- Apartado 1: Introducir un nuevo Perfil	60
12.2.- Apartado 2. Buscar un Perfil.....	62
13.- CONCLUSIONES	66
14.- REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	69
ANEXO Proceso básico para la colecta y procesamiento de muestras de ADN con fines de investigación	75
GLOSARIO	77

RESUMEN

Debido al aumento del índice de delincuencia en nuestro país es que se recurrió al uso de la genética forense para resolver cientos de casos que día a día acontecen. Gracias al descubrimiento del Dr. Alec Jeffreys es que se han utilizado los marcadores genéticos para la obtención de perfiles de la misma índole, siendo los más usados las Repeticiones Cortas en Tandem o STRs del inglés Short Tandem Repeats. Una vez obtenidos los perfiles, se puso en marcha un método en el que se pudieran almacenar los Perfiles Genéticos y gracias a la tecnología es que se crearon las bases de datos de ADN. En el presente estudio se muestra una propuesta preliminar de una base de datos de ADN que puede ser susceptible a ser tomada como fundamento por cualquier Institución de Procuración de Justicia, sin embargo se tomó como ejemplo la Procuraduría General de Justicia del Distrito Federal para estructurar a la misma. Además, se vio la gran importancia y éxito que han tenido las bases en el mundo, comenzando por el Reino Unido, al que tomaron como ejemplo los Estados Unidos, Canadá y Australia entre otros países. Gracias al uso de esta maravillosa tecnología la resolución de los casos delictivos y de filiación se han resuelto con mayor rapidez.

INTRODUCCIÓN

Desde que el hombre comenzó a hacer uso del instinto de la agresividad para fines diferentes a los defensivos y de supervivencia, apareciendo por primera vez delitos que atentan contra la integridad, libertad y demás derechos de otras personas, fue que se empezó a determinar la identidad de los individuos, principalmente de los que han cometido un determinado acto delictivo y junto con una revolución tecnológica, permitió la aplicación del potencial de identificación con ADN en el ámbito judicial y con una precisión que sea aceptada en procesos civiles y penales (Lorente, 2004). Dada la necesidad de aplicar y ser admitida la Genética en la justicia, se tuvieron que usar las herramientas tecnológicas y estadísticas para realizar las bases de datos de ADN, ya que por la violencia que se padece y sobre todo del aumento de incidencias de un mismo victimario a repetir sus acciones, es que se hizo necesaria la creación de las bases de datos de ADN en la mayor parte del mundo. Lamentablemente no todos los países conocen y cuentan con una base de este tipo, dentro de esos países se encuentra México, en el que hace poco se comenzó con la creación de una base de datos de ADN sin embargo, no ha sido posible la creación de una de estas en cada estado de la República.

Las últimas dos y media décadas, el uso de las Pruebas de ADN en las investigaciones de la escena del crimen, han experimentado un tremendo crecimiento, así como las pruebas de paternidad. Hoy en día cientos de laboratorios forenses públicos y privados usan este tipo de estudios. Además, la mayoría de los países en Europa, América del Sur, y Asia, así como Australia,

Nueva Zelanda y algunos países de África tienen programas forenses de ADN. Desde mediados de la década de 1990, las bases de datos con perfiles de ADN de muestras tomadas de la escena del crimen, de delincuentes condenados, y en algunos casos de personas simplemente arrestadas por un delito, han mostrado su eficacia ligando a los delincuentes con sus crímenes. La aplicación de esta tecnología ha permitido la resolución de decenas de miles de crímenes (particularmente crímenes en serie por reincidentes) en todo el mundo (Butler, 2010).

1.- TIPIFICACIÓN DEL ADN (PERFIL GENÉTICO)

El ADN son las siglas utilizadas para denominar al ácido desoxirribonucleico. Es una biomolécula, la cual se encuentra en el núcleo de cada una de las células que componen el cuerpo humano. Es heredada de ambos progenitores y única para cada individuo, con excepción de los gemelos idénticos.

La tipificación del ADN es una herramienta de la caracterización genética individualizada proveniente del análisis del ADN. Dando como resultado la obtención de un Perfil Genético, el cual es una técnica realizada sobre la muestra biológica, destinada a determinar la identificación de una persona.

Debido a que el ADN es el mismo en todas las células del cuerpo, los perfiles genéticos identificados de diferentes muestras y en diferentes sitios pueden ser comparados para determinar si provienen de la misma persona. Si se encuentran muestras biológicas humanas en un escenario donde se cometió un delito, el perfil genético del ADN puede determinar si un sospechoso puede ser la posible fuente biológica de una muestra.

La tecnología fundamental de la tipificación de ADN para la obtención de perfiles genéticos fue desarrollada por primera vez por el genetista Inglés Alec Jeffreys y colegas a mediados de la década de los 80's. El Dr. Jeffreys encontró que ciertas regiones del ADN contenían secuencias que se repetían una y otra vez una seguida de la otra; también descubrió que estas secuencias en una muestra diferían de individuo en individuo (Butler, 2010). Este descubrimiento, demostró la potencialidad del perfil de ADN, convirtiéndose en una de las más importantes

herramientas de investigación forense para ser desarrollada en el siglo XXI (Buckleton *et-al*, 2005). Actualmente las secuencias de este tipo más usadas son los STRs y se han convertido en la tecnología elegida para las bases de datos de ADN en todo el mundo, puesto que ofrecen análisis más específicos y más rápidos. Los STRs funcionan por el análisis de los patrones de repetición en varias localizaciones del genoma humano (loci). Analizando los patrones de repetición en varios loci, los científicos pueden identificar individuos o perfiles de ADN en forma definitiva (Zogbi, 2011).

Los STR más usados en genética forense y en estudios de paternidad, son los que poseen una secuencia de repetición de 4 bases TAGA (Chieri y Zannoni, 2001).

---- TAGA TAGA TAGA TAGA TAGA ----

En el genoma humano hay miles de STR, sin embargo, en genética forense se emplean cerca de 20, que son los que mejor cumplen con los criterios expuestos. Los marcadores STR son hoy en día herramientas importantes en las pruebas de identificación humana debido a su alto grado de variabilidad, facilidad de empleo en formatos de kits comerciales que permiten la amplificación de múltiples STR en una sola Reacción en Cadena de la polimerasa PCR de sus siglas en inglés Polymerase Chain Reaction. Los loci empleados actualmente en las pruebas de identificación humana han demostrado su utilidad al ayudar en la resolución de numerosos casos criminales, así como en las pruebas de filiación, ya que el perfil genético que resulta de la interpretación de estos marcadores, tiene un alto poder de discriminación entre individuos relacionados y sin relación (Goodwing, 2007).

Por ello se convirtieron en una herramienta estándar para los laboratorios forenses de todo el mundo. Hoy en día la mayoría de los casos forenses involucran el análisis de los polimorfismos de STRs y esta situación es poco probable que cambie en un futuro cercano (Goodwing, 2007).

1.1.- Pasos en la obtención de un perfil Genético

El ADN se encuentra en el interior del núcleo de las células, para poder estudiarlo, lo primero que hay que hacer, es un proceso especial de extracción. En primer lugar se rompe la membrana celular o citoplasmática y la nuclear, de forma que el ADN quede liberado. Todos los laboratorios forenses disponen de una variedad de técnicas de extracción que se modifican de forma casera. El más sencillo es el método de Chelex y, uno de los más universales es la extracción llamada orgánica (mezcla de fenol y cloroformo), por que permiten numerosas modificaciones y se adaptan a las circunstancias. También existen equipos y productos comerciales que se adaptan a muchas de las muestras más habituales (Martín, 2004).

Una vez que se ha realizado la extracción de ADN es necesaria una exacta medición de la cantidad y calidad del ADN extraído, a este paso se le denomina cuantificación de ADN. Adicionando la cantidad correcta de ADN al termociclador se producirá una mejor calidad de resultados en un menor tiempo. Actualmente la cuantificación se realiza mediante una reacción de PCR cuantitativa a tiempo real, mediante el uso de *primers* y sondas específicas

Una vez extraído y cuantificado el ADN se procede a la amplificación y secuenciación en los que se siguen los siguientes pasos:

1.- Se necesitan “*primers*” o “iniciadores además de ADN problema extraído a partir de la muestra del análisis, magnesio, agua, nucleótidos sintéticos, y la enzima Taq polimerasa que cataliza la reacción (Martín, 2004).

2.- Para cada paso de la amplificación se siguen etapas propias del comportamiento de la molécula del ADN. Un ciclo en el termociclador consta de: temperatura de 94-95° C, con lo cual la doble cadena de ADN se separa quedando en forma de cadena simple, etapa que se conoce como “desnaturalización” del ADN; descenso de la temperatura entre 50 o 60° C, con lo que las moléculas de los “primers” o “iniciadores” se unen a la cadena problema para iniciar la copia, y la etapa de “extensión”, a 72° C (temperatura óptima de funcionamiento de la polimerasa), es cuando la Taq polimerasa actúa y se produce la reacción en cadena que dispone los nucleótidos uno tras otro, de acuerdo con el molde del ADN problema. El termociclador se programa para que reinicie cuantos ciclos se desee o lo indique el protocolo del STR que se analiza, que normalmente va de los 25 hasta los 35 ciclos y la reacción dura aproximadamente 3 horas (Figura 1), (Farfán, 2004).

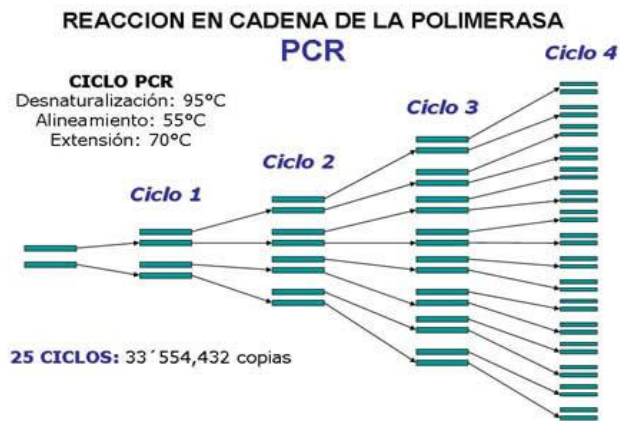


Figura 1. Amplificación exponencial de una secuencia de ADN por ciclos de temperatura por la técnica de PCR (Rangel, 2010).

La identificación de los fragmentos amplificados se hace por electroforesis, o en forma directa con los secuenciadores automáticos, para lo cual los “primers” se marcan con fluorocromos que se detectan con rayos laser incorporados al secuenciador, que registran los segmentos de ADN estudiados como picos o bandas multicolores (Yunis y Yunis, 2001; Butler, 2010).

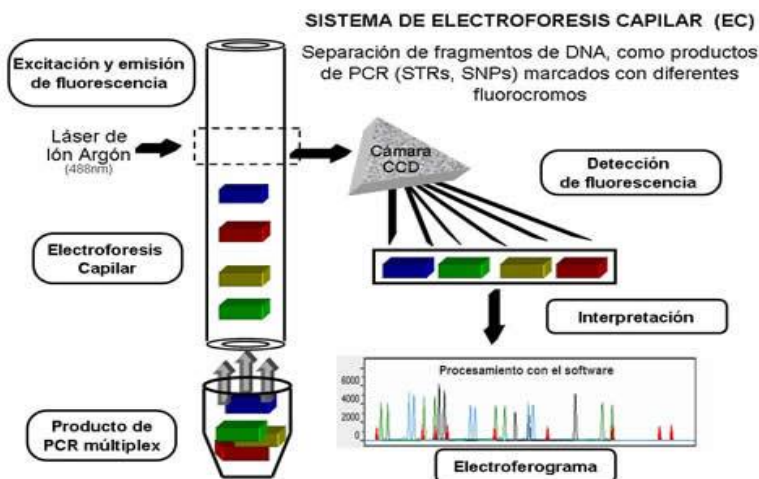


Figura 2. Representación de los pasos que involucra el análisis de fragmentos de ADN por electroforesis capilar (EC) (Rangel, 2010).

En la electroforesis capilar (Figura 2) los resultados obtenidos se analizan con un software evitándose así problemas de interpretación y permitiendo que estos queden almacenados para futuros análisis posibles, observándose un perfil genético en la Figura 3 (Butler, 2010).

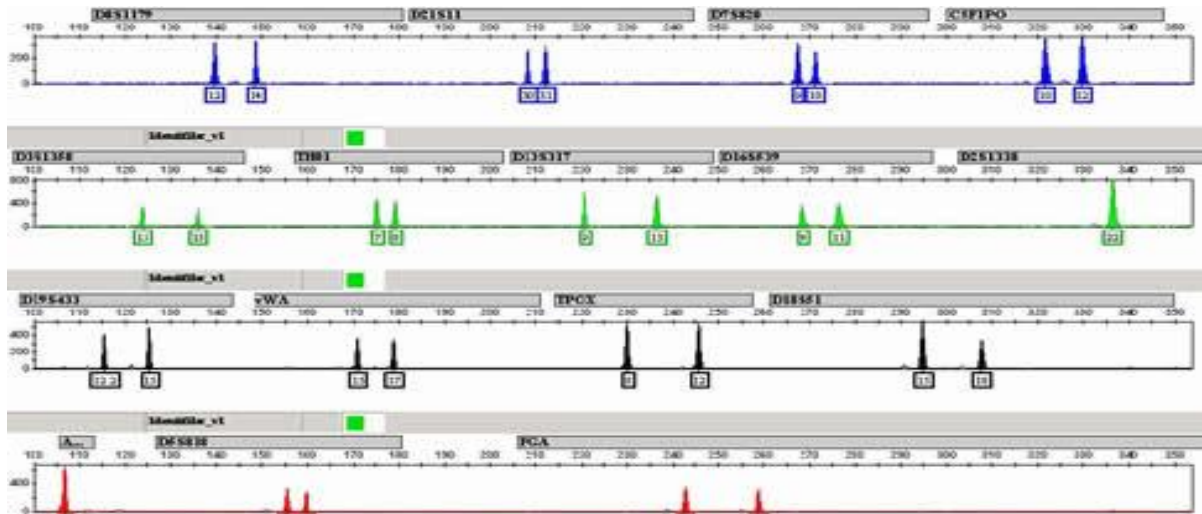


Figura 3. Electroferograma del perfil genético de un individuo, (Rangel, 2010).

Cada análisis se debe correr contra una escalera alélica que reúne todas las posibilidades existentes en la población, de modo que el producto amplificado se pueda comparar y se le pueda adjudicar con claridad el alelo correspondiente (Yunis y Yunis, 2002).

2.- COMPARACIÓN DE PERFILES GENÉTICOS

Las pruebas de ADN forense deben ser realizadas de acuerdo a las normas y a las Buenas Prácticas de Laboratorio (Good Laboratory Practices, GLP), para obtener resultados confiables. Los estándares rigurosos y los protocolos precisos, son fielmente seguidos por los laboratorios de ADN forense que ayudan a mantener un alto nivel de calidad en los datos obtenidos. La información producida como parte del estudio forense, debe ser confiable y capaz de soportar en una corte un riguroso escrutinio (WHO, 2009).

Es importante tener en mente que un perfil de ADN resultante de una muestra, siempre debe ser comparado con otras muestras. En el caso de una investigación forense, se incluirían muestras de referencia conocidas, como las de la víctima o el sospechoso, los cuales deben ser comparados con las evidencias de un lugar de los hechos. En una investigación de paternidad, el perfil genético de un niño, será comparado con los padres que se encuentren bajo investigación (Butler, 2010).

Por lo tanto, un perfil de ADN por él mismo no sirve, por no tener un contexto. El análisis de ADN siempre requiere que se realice una comparación entre dos muestras:

(1)Q= una muestra problema, es decir que es desconocida.

(2) K= una muestra conocida referida.

En un caso forense, una evidencia tomada del lugar de los hechos (Q) siempre debe ser comparada con un sospechoso (K) o con varios sospechosos (K1, K2, K3,). En un caso sin sospechosos, el perfil genético de una evidencia debe ser comparado con una base computarizada que contenga perfiles de ADN de previos delincuentes. El resultado de comparar Q-K, pueden resultar en; (1) una inclusión, (2) una exclusión o (3) un resultado inconcluso (Butler, 2010).

3.- ASPECTOS POBLACIONALES DE LOS PERFILES GENÉTICOS

Si dos muestras de tejido humano tienen patrones diferentes de ADN eso determina que provienen de dos personas diferentes. Si se presentan patrones iguales existen dos posibilidades:

- Que las muestras pertenezcan a la misma persona o a un gemelo idéntico.
- Que las muestras pertenezcan a dos personas diferentes, pero donde las regiones investigadas del ADN para determinar los patrones del mismo son iguales.

Para la comprobación de estas dos posibilidades se usa la estadística poblacional, con el objeto de estimar la fracción de las personas dentro de la población que presenten esta particular combinación de patrones genéticos (Chieri y Zannoni, 2001).

En un caso forense, la mayor duda sobre la tipificación del ADN radica en saber la proporción de personas de la misma población del sospechoso en cuestión que

tenga la misma combinación de patrones de ADN igual a la muestra de la evidencia.

La respuesta de esta pregunta se obtiene estimando la frecuencia de los alelos específicos basados en la genética poblacional. Lo que concierne a la genética poblacional es la distribución de los alelos dentro de ella, así como los factores que mantienen o modifican estas frecuencias.

El concepto más importante de la genética de población es el equilibrio de Hardy y Weinberg. El equilibrio de Hardy-Weinberg fue descrito en 1908 por el matemático inglés Hardy, y el médico alemán Weinberg,, se basa en su ley homónima la cual establece que las frecuencias génicas y genotípicas se mantienen constantes de una generación a la otra (Figura 4), (Chieri y Zannoni, 2001).

Si consideramos un solo locus genético, con dos alelos, “A” y “a”, las frecuencias de ellos en espermatozoides y en óvulos corresponden a:

p = frecuencia del alelo A

q = frecuencia del alelo a,

de modo que $p+q=1$ $(p + q)^2 = p^2 + 2pq + q^2$

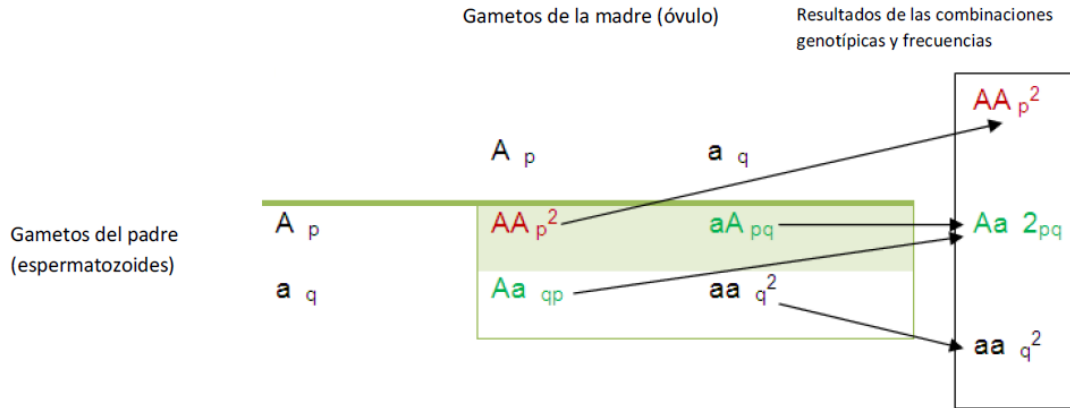


Figura 4. Una multiplicación cruzada (cuadrado de Punnett) que muestra las frecuencias resultantes de la combinación de dos alelos 'A' y 'a' con 'p' y 'q' como sus proporciones, de acuerdo al equilibrio Hardy - Weinberg. Tenga en cuenta que $p + q = 1$ y que las proporciones genotípicas son simplemente una expresión binomial de, $(p + q)^2 = p^2 + 2pq + q^2$, (Chieri y Zannoni, 2001).

Se tiene que para un solo locus los gametos se pueden unir libremente. Este equilibrio explica por qué los rasgos dominantes no reemplazan automáticamente a los recesivos en la población, su utilidad, sin embargo, está en explicar por qué en una población de buen tamaño las frecuencias alélicas no cambian de una generación a otra, y cómo para cualquier locus las frecuencias genotípicas están determinadas por las frecuencias relativas de los alelos en ese locus (Yunis y Yunis, 2002). Cada alelo puede ser relativamente común, sin embargo, cada locus estudiado posee dos alelos. La combinación de los 15 loci obtenidos por los kits de amplificación, permite establecer que un perfil genético sea exactamente igual en dos individuos. Típicamente esta probabilidad puede ser del orden de uno en varios billones, lo cual implica que cualquier perfil sea raro en una población en particular, pero único (Rangel, 2010).

4.- BASES DE DATOS DE ADN

4.1.- ¿Qué es una base de datos de ADN?

Cuando se obtiene un perfil genético es posible identificar a las personas, excluirlas o no, de ser responsables de algún acto delictivo. Por esto se han creado las bases de datos de ADN que no son más que programas o softwares en los que se guardan los perfiles genéticos y que son utilizados para la resolución de los casos (Butler, 2010).

Las Bases de datos de ADN han surgido gracias, por un lado, a grandes avances en el procesamiento de datos y por el otro, a los avances que se han producido en materia de genética. La combinación de los adelantos informáticos con los conseguidos en genética pueden utilizarse con gran eficacia, como se está demostrado en varios países (Mora, 2008).

La información genética es de enorme valía para el Estado, para cumplir con determinadas actividades, como la averiguación ministerial de los delitos y en especial, la identificación y registro de los delincuentes, con lo cual la creación de bases de datos de ADN viene siendo desde hace unos años una cuestión inquietante para la seguridad de los países.

La obtención y la utilización de los datos genéticos en la investigación criminal y en los procesos civiles de investigación de la paternidad, son una gran herramienta para la identificación de las personas y de esta manera colabora a la administración de justicia.

Las bases de datos de perfiles de ADN pueden crearse con diferentes finalidades:

- CIVIL: Con el objeto de obtener y almacenar información genética que facilite la solución de conflictos relativos a la filiación, es decir, en los procesos civiles de paternidad.
 - ❖ Para la identificación de individuos que han fallecido en atentados terroristas, catástrofes o accidentes, y para la identificación de terroristas (caso de Estados Unidos después del día 11 de septiembre de 2001, y el atentado del 11 de marzo de 2004 en Madrid).
- CRIMINAL: Investigación Criminal, se tienen dos fines: identificar a los desaparecidos e identificar a los criminales (Guridi y Francisco, 2008).
 - ❖ Para identificar personas desaparecidas. Lo que se trata es de almacenar los perfiles de ADN de cuerpos o partes de cuerpos aún sin identificar, que deben ser comparados con los análisis genéticos provenientes de personas con parientes desaparecidos que voluntariamente facilitan muestras propias para ser incluidas.
 - ❖ Bases de datos de ADN con el objeto de identificar a los autores materiales de delitos graves, es decir, para investigación criminal e identificación de los delincuentes. En estas bases de datos se almacenan los datos procedentes de personas implicadas en algún hecho criminal o perfiles procedentes de la escena de un crimen.

Con la finalidad de identificar a los autores de hechos delictivos es que se han creado bases de datos de ADN en diferentes países, como Estados Unidos, y en Europa, en particular Dinamarca, Noruega, Finlandia, Inglaterra, Escocia, Irlanda del Norte, Suecia, Holanda, Francia, Italia, Austria, Eslovaquia, Republica Checa, Bélgica, Hungría, Suiza, Croacia, Polonia, Alemania y España, y han establecido ciertas normas para el manejo del material genético y su almacenamiento en relación con la investigación penal. Las experiencias hasta el momento en investigación criminal y la colaboración entre Estados de la Unión Europea han dado resultados muy positivos en la identificación de personas, tanto desaparecidos como delincuentes o víctimas (Guerrero, 2008).

El reciente crecimiento de las bases de datos de ADN ha provocado que se incremente el uso de estas dentro de la ciencia forense en la ejecución de la ley. Más allá de la función primaria de la unión de los crímenes y sospechosos, las bases de datos de ADN también proveen un depósito de información sobre crímenes y criminales. El análisis de estos datos puede incrementar nuestro entendimiento en el contexto con el cual la ciencia forense opera como una herramienta del sistema de Justicia Criminal. Además las bases de datos de ADN requieren nuestra consideración a investigar los temas específicos para su utilización. Estas bases pueden usarse a nivel local para resolver muchos casos que de otra manera jamás se les daría justicia como los miles de casos de violencia sexual (Buckleton *et-al*, 2005).

5.- BASES DE DATOS DE ADN ALREDEDOR DEL MUNDO

5.1.- Base de datos de ADN Nacional del Reino Unido (National DNA Database, NDNAD)

La implementación de las bases de datos de ADN inició en el Reino Unido. El 10 de Abril de 1995 fue creada la primera base de datos de ADN del mundo, llamada Base de Datos de ADN Nacional del Reino Unido, de sus siglas en inglés (NDNAD) National DNA Database (Butler, 2010).

La NDNAD fue prevista solamente como una base de datos inteligente, con el fin de almacenar datos, ya que no fue creada con el propósito de persecución. Sin embargo después se utilizó con fines criminales (Semikhodskii, 2007).

La creación de la NDNAD estuvo precedida por la introducción de la legislación, con la cual dio a la policía autoridad de obtener muestras de ADN de individuos (incluso si no habían tenido cargo alguno de ofensa) y retener la información derivada de ellas, así como, hacer uso de los perfiles obtenidos para compararlos con perfiles de crímenes sin resolver (búsqueda especulativa). Esta se estableció bajo el Acta de Evidencia Criminal y de la Policía (Police and Criminal Evidence Act) en 1984, en su versión modificada por el Acta de Orden Público y Justicia Criminal (Criminal Justice and Public Order Act) 1994 y por el Acta Policiaca y Justicia Criminal (Criminal Justice and Police Act) 2001. La Carta de enmienda también permitía el uso de la NDNAD para la investigación criminal y así ampliar la base del Reino Unido (Semikhodskii, 2007).

El fundamento legal para la creación de la NDNAD está sentado en la Circular Principal (Home Office Circular, HOC) 16/1995 en su versión modificada por HOC 47/1996, HOC 27/1997 y HOC 58/2004, las cuales proveen la guía en la operación y temas de condiciones de seguridad. Esta legislación garantiza que la información derivada de las muestras deben checarsse con la información en poder de las fuerzas policiales en Inglaterra, Gales, Escocia, Irlanda del Norte, Jersey, Guernsey, así como por el mantenimiento en nombre de las fuerzas escocesas y del servicio policial de Irlanda del norte (Semikhodskii, 2007).

Existen varias razones para la creación de la base criminal en el Reino Unido, en primer lugar se tomó en cuenta el esfuerzo y dinero que consume una base de datos de ADN: Las tendencias criminales a reincidir en alguna ofensa es de un 90% en los violadores; 50% en robo armado; la severidad de los crímenes aumenta frecuentemente, en muchas instancias la actividad criminal empieza a una edad joven, donde muchos criminales cometen su primer delito entre los 16-19 años de edad; y un pequeño número de delincuentes pueden ser responsables de varios crímenes. Ligando estas razones se puede ayudar a la investigación policial, esto es particularmente en casos de robos, homicidios, y serios casos tales como asaltos sexuales (Goodwing, 2007).

La NDNAD contiene 4 tipos de muestra:

- Muestras de la escena del crimen (Scene of crime SOC);
- Muestras de los casos tomados de los sospechosos para compararse con las muestras del SOC en un caso específico.

- Muestras de la Justicia criminal (Criminal Justice CJ); y
- Muestras de voluntarios.

Los perfiles de ADN de los voluntarios son usados únicamente para propósitos de eliminación en un caso específico. No son revisadas de nuevo en algún otro caso ni en las muestras de otros SOC y no son almacenados en la base de datos a menos que el voluntario lo acepte.

El mínimo de edad en el que una persona puede estar en la base de datos es de 10 años. Casi el 85% de los perfiles de ADN son obtenidos de hombres. Con respecto al origen étnico, más del 20% pertenecen a la minoría étnica (Semikhodskii, 2007).

El grupo técnico de trabajo del ADN en el Reino Unido está integrado por representantes de todos los principales proveedores del Reino Unido e Irlanda que contribuyen a la base de datos de ADN Nacional del Reino Unido, NDNAD. El grupo tiene el mandato siguiente: actuar como cuerpo para la revisión de diseños experimentales, para proporcionar asesoramiento a la custodia y así facilitar el desarrollo de la NDNAD; para el desarrollo de una estrategia coordinada y contribuir a la Justicia criminal; para que el Reino Unido sea incluyente más que excluyente, con lo que se refiere a la introducción y uso de métodos; para definir las mejores prácticas; para definir directrices científicas que ayuden en el análisis e interpretación de evidencias; para elaborar una guía que pueda ser utilizada por los Servicios de Acreditación del Reino Unido (UKAS, UK Accreditation Services). El grupo pertenece a la Red Europea de Institutos de Ciencias Forenses (ENFSI,

European Network of Forensic Science Institutes), con ayuda de esta red la NDNAD tiene una mayor eficacia, ya que esta le proporciona fundamentos para mejorar la base (Gill y Brown, 2008).

5.1.1.- Medida del éxito de la NDNAD

La Agencia Nacional para la Mejora de la Policía (The National Policing Improvement Agency) se encarga de coleccionar los datos en nombre de las fuerzas policíacas en Inglaterra y en Gales sobre sus actividades forenses relacionadas con detecciones. Estos datos incluyen el número de crímenes que han sido examinados en escenas del crimen, el número de crímenes donde el material forense es recolectado, el número de crímenes donde el ADN es agregado a la NDNAD, el número de crímenes donde el ADN coincide y donde se encuentran coincidencias con el ADN detectado, y demás (Tabla 1).

Las coincidencias entre un perfil de ADN de la escena del crimen y de los sospechosos juegan un rol crucial proporcionando a la Policía un posible sospechoso actor del delito, sin embargo la Policía sólo actúa cuando se tienen las coincidencias de ADN e información adicional al caso.

Tabla 1. Coincidencias y detecciones de ADN 1998/2009

Año	Crímenes con coincidencias de ADN escena-delincuente	Detecciones de crímenes en los que el ADN disponible en la base coincide	Detecciones adicionales derivadas de coincidencias de ADN	Detecciones totales de ADN
1998/99	21 239	6 151	No disponible	6 151
1999/00	23 021	8 612	No disponible	8 612
2000/01	30 894	14 785	No disponible	17 785
2001/02	39 043	15 894	6 509	22 403
2002/03	49 913	21 098	12 717	33 815
2003/04	45 269	20 489	15 899	36 388
2004/05	40 169	19 949	15 732	36 605
2005/06	45 221	20 349	19 960	40 309
2006/07	41 717	19 949	21 199	41 148
2007/08	37 376	17 614	15 420	33 034
2008/09	36 727	17 463	14 452	31 915
Total abril 1998-marzo 2009	410 589	182 277	121 888	304 165

(NPIA, 2009).

Las coincidencias incluyen casos donde los individuos tenían una razón para estar en la escena del crimen y casos donde no era posible avanzar más en la investigación. Una detección de ADN significa que el crimen fue aclarado y hubo coincidencia de ADN. Las detecciones adicionales ocurren cuando, por ejemplo, un sospechoso puede ser presentado con evidencia de ADN ligada a él en una ofensa y confiesa que cometió otros delitos.

Cabe señalar que para Abril de 2009 la NDNAD contenía un estimado de 4 587 430 personas, muestras de Inglaterra y Gales, es realmente una cifra elevada, sin embargo se ha visto una gran ayuda de estos casos gracias a la base de datos de ADN (NPIA, 2009). Gracias a estos datos es que se puede ver la eficacia de las bases de datos de ADN y el porqué en México se debe implementar el uso de ésta.

5.2.- Sistema Indexado de ADN Combinado de los Estados Unidos (Combined DNA Index System Program, CODIS)

Otra base importante en el mundo es el Programa denominado Sistema Indexado de ADN Combinado, del inglés CODIS (Combined DNA Index System Program) un sistema creado en los Estados Unidos (Goodwin, 2007). En 1992 la armada de los Estados Unidos, estableció una base de datos, para identificar personas desaparecidas en la operación tormenta del desierto y esta experiencia fue la plataforma para la creación de su base de datos de ADN. En 1994 el congreso autorizó al laboratorio del FBI para establecer y supervisar la base de datos de ADN Nacional, sin embargo, el FBI empezó un proyecto piloto con 14 estados y laboratorios locales para observar la efectividad de la misma, esto tardó varios años para reunir suficientes perfiles genéticos de delincuentes convictos para alcanzar la cantidad necesaria y así obtener coincidencias con evidencias de escenas del crimen. Durante los años 90's, el número de muestras en el CODIS creció varios cientos de miles (Semikhodskii, 2007). En octubre de 1998 se lanzó el National DNA Index System (NDIS) que es la cabeza del CODIS, que permite realizar la comparación interestatal de los perfiles de ADN investigados, sin embargo, sólo 9 estados participaron, para Julio del 2004, todos los 50 estados fueron parte de el NDIS. Para realizar tales programas el sistema CODIS estableció dos tipos de índices:

- El de los delincuentes, convictos, reos acusados de haber cometido delitos sexuales u otros crímenes violentos, que se denomina Índice de convictos (Convicted Offenders Index).

- El índice en los que se hallan los estudios de ADN realizados a partir de muestras biológicas obtenidas de las víctimas o en la escena del crimen, al que se le denomina Índice Forense (Forensic Index).

En noviembre de 1997, el FBI seleccionó 13 STR que sirven como la base del CODIS. Estos marcadores son CSF1PO, FGA, TH01, TPOX, VWA, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, D13S317, D16S539, D18S51, y D21S11.

5.2.1.- Software CODIS

En Diciembre de 2008, el software del CODIS fue instalado en 180 laboratorios representando a todos los 50 estados de Estados Unidos, también en el laboratorio criminal militar del FBI y en Puerto Rico. De estos 180 sitios donde se instaló el software, 127 son a nivel local (Local DNA Index System, LDIS), y 53 a nivel estatal (State DNA Index System, SDIS), solo el FBI es a nivel nacional (National DNA Index System, NDIS).

Quien trabaja en el soporte de la base es el Sistema de Información de la Justicia Criminal Red de Área Amplia (CJIS WAN, Criminal Justice Information System Wide Area Network), una aplicación independiente de la ley de redes informáticas que opera de modo similar al Internet. El software es el mismo para los 3 niveles de la base y está en constante mejora (Semikhodskii, 2007).

5.2.2.- Medida del éxito del CODIS

En los primeros 5 años de operación (1998-2003), el sistema CODIS ayudó a más de 11 000 investigaciones en los Estados Unidos. En Diciembre de 2008, más de 80 000 investigaciones fueron resueltas usando el CODIS, permitiendo que miles de crímenes fueran relacionados y resueltos alrededor de Estados Unidos.

El número de coincidencias es en gran medida relativo al tamaño de la base de datos, ya que como el CODIS continúa creciendo, su valor cambia. La NDNAD del Reino Unido se ha mantenido cerca del 40% de obtener una coincidencia entre perfiles de escenas del crimen y una justicia criminal (arrestar a un sospechoso) de un perfil buscado dentro de la base de datos de ADN.

Tabla 2. Conteo estadístico de “coincidencias” (total acumulado por año). La mayoría de coincidencias de delincuentes (~87%) son intraestatales (local) más que interestatal (nacional).

Cierre del año Diciembre 31	Investigaciones ayudadas	Coincidencias forenses	Coincidencias de delincuentes	Coincidencias dentro del estado (~87%)	Coincidencias de delincuentes a nivel nacional
2000	1573	507	731	705 (97%)	26
2001	3635	1031	2371	2204 (93%)	167
2002	6670	1832	5032	4394 (87%)	638
2003	11220	3004	8269	7188 (86%)	1151
2004	20788	5147	13855	11991 (87%)	1864
2005	30455	7071	21519	18664 (87%)	1855
2006	43156	9529	32439	28163 (87%)	4276
2007	62059	11750	49813	43305 (87%)	6508
2008	80948	14122	66783	58304 (87%)	8479

(Folleto CODIS, 2009).

La tabla 2 muestra el crecimiento de las coincidencias forenses y de delincuentes al paso de los años. Se nota que casi el 90% del tiempo, las coincidencias de delincuentes ocurren dentro del estado más que entre estados, lo cual enfatiza el valor de las bases de datos de ADN a nivel local (Butler, 2010).

5.3.- Banco Nacional de Datos de ADN de Canadá, (National DNA Data Bank)

La comunidad de la policía canadiense, desde hace algún tiempo, pidió la creación de un banco de datos de ADN para ayudar en las investigaciones de la policía. El gobierno respondió asintiendo con la Ley de Identificación por ADN, el 10 de diciembre de 1998. Esta legislación permitió que un banco de datos de ADN fuera creado y que se modificara el Código Penal para proporcionar un mecanismo en el que un juez pudiera exigir que personas condenadas por delitos, den muestras de sangre, muestras bucales o el cabello para obtener los perfiles de ADN, a pesar de que no dieran su consentimiento. La legislación se hizo oficial el 30 de junio de 2000.

La policía canadiense ha estado utilizando las pruebas forenses de ADN por poco más de una década, sin embargo, se ha convertido en una de las herramientas más poderosas disponibles en las agencias de aplicación de la ley para la administración de justicia.

El Banco Nacional de Datos de ADN respeta las consideraciones de la privacidad genética y sigue las directrices estrictas como se especifica en la Ley de Identificación de ADN. Las muestras biológicas de los condenados y los perfiles de ADN resultantes sólo se pueden utilizar con fines policiales.

El Banco Nacional de Datos de ADN contribuye a la administración de la justicia y la seguridad de los canadienses para que las personas que cometen delitos graves sean identificadas más rápidamente a través de todas las jurisdicciones de

la policía en Canadá, y a la vez exonerar a personas inocentes. Se asiste a las agencias del orden público en la solución de los crímenes por:

- Vinculación de los crímenes juntos, donde no hay sospechosos; ·
- Ayudar a identificar a los sospechosos;
- La eliminación de sospechosos, donde no hay ninguna coincidencia entre el ADN de la escena del crimen y un perfil de ADN almacenado en el Banco Nacional de Datos de ADN y
- La determinación de si un delincuente serial está involucrado

El Banco Nacional de Datos de ADN es el responsable de dos índices principales: El índice de Ofensores Condenados (Condemned Offenders Index, COI) es el índice electrónico que ha sido desarrollado a partir de los perfiles de ADN obtenidos de los delincuentes condenados por delitos en primer y segundo grado (NDDDB, 2006).

El Índice de la Escena del Crimen (Crime Scene Index, CSI) es un índice electrónico compuesto de perfiles de ADN obtenidos a partir de investigaciones de la escena del crimen.

Hasta la fecha, varios miles de muestras de ADN de condenados por delitos han sido procesados y se agregan al Banco Nacional de Datos de ADN, junto con las muestras recibidas de diversas escenas del crimen en todo el país. Miles de agentes de policía de cada provincia y territorio en Canadá han sido entrenados

para recoger muestras de ADN que luego se remitirán al Banco Nacional de Datos de ADN para su análisis.

El Banco Nacional de Datos de ADN se ajusta a los requisitos de la norma ISO / IEC 17025 y es reconocida como un laboratorio de pruebas acreditado para las pruebas específicas incluidas en el alcance de la acreditación aprobada por el Consejo de Normas de Canadá (NDDB, 2006).

Los canadienses pueden estar orgullosos del Banco Nacional de Datos de ADN y la certeza de que su personal altamente calificado le ayudará a resolver cientos de crímenes en los próximos años, ya que el conocimiento científico y las herramientas tecnológicas siguen mejorando (Tabla 3).

Tabla 3. Coincidencias de ofensores y forenses, así como el total de perfiles de ofensores y de la escena del crimen en Canadá del año 2004 al 2009.

Año	Coincidencias de ofensores*	Coincidencias Forenses**	Total de perfiles de ADN en el índice de ofensores convictos	Total de perfiles de ADN en el índice de la escena del crimen
2004	2 986	380	75 138	20 118
2005	4 978	711	92 980	27 925
2006	6 919	1083	110 930	34 245
2007	13 115	16 440	128 124	40 947
2008	11 503	1 788	158 493	48 268
2009	14 598	2 169	188 684	55 118

* Coincidencias encontradas entre el Índice de la Escena del Crimen y el Índice de Ofensores Convictos, ** Coincidencias encontradas entre el Índice de la Escena del Crimen y el Índice de la Escena del Crimen, (NDDB Annual Report, 2010).

El Banco Nacional de Datos de ADN es un brillante ejemplo de la creciente importancia de la ciencia y la tecnología en la aplicación de la ley moderna.

5.4.- Base Nacional de Datos de ADN de Investigación Criminal de Australia, (National Criminal Investigation DNA Database, NCIDD)

La Comunidad Australiana estableció en junio de 2001 la Base Nacional de datos de ADN de Investigación Criminal (National Criminal Investigation DNA Database, NCIDD), para facilitar el papel de los perfiles de ADN dentro de la jurisdicción, y la congruencia entre los perfiles de competencia de las jurisdicciones participantes, a efectos de aplicación de la ley. La NCIDD proporciona todos los servicios de la policía australiana con la capacidad de hacer búsquedas por perfiles de ADN interjurisdiccional. Esto les permite encontrar coincidencias entre los perfiles de ADN de la escena del crimen con los perfiles de los ofensores convictos, y encontrar coincidencias de dos o más perfiles de las escenas del crimen sin resolver.

La Base de datos de ADN es operada por la agencia CrimTrac, esta Agencia se estableció en julio de 2000 como un servicio de la policía nacional de Australia a través de un Acuerdo Gubernamental Interno (Inter-Governmental Agreement, IGA), y actúa en acuerdo con la legislación estatal y nacional.

La NCIDD contiene los perfiles de las muestras recogidas de la escena del crimen sin resolver, de los delincuentes que cometen delitos graves, sospechosos, los voluntarios, personas desaparecidas y personas fallecidas desconocidas. La base de datos proporciona una herramienta de investigación importante y de manera nacional a la policía australiana y científicos forenses NCIDD (CrimTrac Annual Report, 2003–10).

Los perfiles se agregan y quitan de la NCIDD de acuerdo con legislación de cada estado. La base de datos se asegura del resguardo de los datos, ya que usa medidas estrictas.

Sólo el estado o territorio que proporciona el perfil de ADN puede identificar a la persona a la que pertenece el mismo. Cuando un perfil coincide con uno de la escena del crimen en la base de datos, la policía de un territorio debe ponerse en contacto con la policía de otro para obtener la identidad de la persona que ha suministrado el perfil, o para obtener los detalles de la escena del crimen de donde se tomo un perfil.

La CrimTrac no tiene acceso a identificar a los individuos o los detalles de la escena del crimen. Los perfiles de ADN en la NCIDD no pueden ser utilizados para construir una imagen física de un individuo, identificar su raza, edad o cualquier condición médica pre-existente. Sólo el género del perfil de ADN puede determinarse. La información contenida dentro de cada perfil puede incluir el número del caso o registro, el territorio o estado, el nombre del oficial que registró la muestra, el nombre del biólogo a cargo del caso, el tipo de muestra (por ejemplo, voluntarios), el nombre del oficial que carga la muestra, el tipo de mezcla, los valores de los loci, las acciones necesarias, coincidencias de referencia, criterios de coincidencia, comentarios sobre la muestra, la fecha de la coincidencia y control de la información NCIDD (CrimTrac Annual Report, 2003–10).

La NCIDD se rige por dos órganos consultivos. Estos son el ADN Grupo Consultivo de Usuarios (DNA Users Advisory Group, DNA UAG) y el Foro

Consultivo CrimTrac NCIDD, Otros dos grupos, los especialistas en Biología del Grupo de Asesores (Biology Specialists Advisory Group, BSAG) y el Instituto Nacional de Ciencias Forenses (National Institute of Forensic Science, NIF), aconseja a las Agencias Asesoras de la Policía de Australia y Nueva Zelanda (Australia and New Zealand Policing Advisory Agency, ANZPAA) al mismo tiempo trabajando en colaboración con CrimTrac.

En los inicios de la NCIDD se tenían solo 50 988 perfiles de ADN, al 30 de Junio de 2010, había 545 105 registros mostrando un incremento de casi 11 veces de lo que se tenía desde el comienzo (CrimTrac Annual Report, 2003–10).

Tabla 4. Número de perfiles dentro de la NCIDD por categoría de los años 2003 al 2010.

Año	Delincuente(s)	Escena del crimen	Personas desaparecidas	Sospechosos	Voluntarios (propósitos ilimitados)	Total
2003-2004	18 101	6231	-	2808	2808	50 988
2004-2005	38 288	41 595	1	58 645	14064	152 594
2005-2008			Información	no disponible		
2009-2010	150 863	149 978	89	224 819	18 626	545 105

(Crim Trac, Annual Report 2003-10).

Es por esto que han sido usadas en diferentes países alrededor del mundo, y un número de otras naciones están en etapas tempranas de la construcción de su propia base de datos de ADN como China y la India, los dos países con la mayor población mundial, están empezando a realizar su base de datos de ADN (Goodwin, 2007).

6.- BASE DE DATOS DE ADN EN MÉXICO

La creación de una base de datos de ADN en México se veía un tanto lejana por la falta de interés del gobierno, sin embargo, hace poco científicos de la Facultad de Estudios Superiores Zaragoza (FES) de la UNAM de entre los cuales destaca el Mtro. Alfonso M. Luna Vásquez, también director del laboratorio de Biología Molecular y Especialidades Criminalísticas de la Dirección General de Coordinación de Servicios Periciales de la Procuraduría General de la República (PGR), quien además encabezó este trabajo, desarrollaron la primera fase de la base de perfiles genéticos en nuestro país, con el fin de establecer la confiabilidad del método de identificación de cualquier conducta criminal de los mexicanos. Este acervo, es cada vez más conocido y utilizado entre las autoridades de procuración de justicia, sin embargo, hasta el momento solo la PGR es la única en todo el país que ha implementado esta herramienta.

En su primera parte, la base contó con 100 perfiles genéticos que fueron revisados por el FBI de EU y la Universidad de Granada, España, instancias que determinaron que no hay errores y que tiene un "equilibrio estadístico" (Gaceta UNAM, 2007).

Un caso relevante donde se utilizó la base de datos de ADN de la PGR es en el tema de las muertas de Juárez, ciudad que presenta desde hace años una ola terrible de asesinatos cometidos a mujeres del lugar, muchos de estos casos quedan sin resolver y en otros en los que se corre con suerte se encuentra la osamenta de algunos de los cuerpos, es así como la PGR identificó a dos

muertas de Juárez con ayuda del programa de perfiles genéticos de la PGR, esto gracias a los perfiles obtenidos de las muestras donadas por 26 familiares de los 13 restos óseos que analiza la dependencia Federal (La impunidad, 2004). En este tipo de situaciones es cuando se ve la gran utilidad que conlleva el implementar el uso de una base de datos de ADN en el Distrito Federal.

La delincuencia en el mundo es uno de los problemas más grandes en la actualidad, por ejemplo, en nuestro país, se ha incrementado en un 20 por ciento durante los últimos años, se dice que “cada siete minutos se comete un delito” en el Distrito Federal, esta situación ha causado miles y miles de pérdidas materiales y humanas. Las estadísticas informan el gran aumento de la violencia en el D.F. Respecto a casos de violencia sexual y de homicidios (Tabla 5), se debe tomar en cuenta que estos son sólo aquellos reportados en los que se levanta averiguación previa, si sumáramos todos aquellos no denunciados las cifras aumentarían considerablemente (PGJDF, 2007, 2008, 2009).

Tabla 5. Frecuencia de casos reportados sobre delitos sexuales y homicidios en el Distrito Federal para los años 2007, 2008 y 2009.

DELITOS	AÑO		
	2007	2008	2009
SEXUALES	3540	3958	4138
HOMICIDIOS	1452	1499	1593

(PGJDF, 2007, 2008, 2009).

La creación de una base de datos en el Distrito Federal, más específicamente en la Procuraduría General de Justicia del D.F., resultaría sumamente importante en aspectos criminales, pues es factible dilucidar los perfiles de diferentes Posibles Responsables del acto criminal o del delito, en el supuesto de que este haya

incidido, además de identificar los cadáveres en casos de desastre natural o en accidentes donde las personas no puedan ser reconocidas a simple vista.

7.- ASPECTOS GENERALES A CONSIDERAR PARA LA CREACIÓN DE UNA BASE DE DATOS DE ADN

La implementación de una base de datos de ADN es una enorme tarea. Un número de componentes deben establecerse antes de crear una base de datos de ADN para que sea efectiva. Esto incluye:

- Legislar en un primer caso para que sea una obligación el dar muestra de ADN.
- Un compromiso del gobierno para permitir el almacenamiento de las muestras en una base de datos de ADN (muestras de las escenas del crimen, de los delincuentes, y demás).
- Un set común de marcadores de ADN, para que los resultados puedan ser comparados entre todas las muestras de la base de datos.
- Un software estándar y formatos computacionales seguros para cuando se tenga una base nacional poder transferir los datos entre los diferentes laboratorios.
- Estándares de calidad de los que dependen los laboratorios para emitir resultados.

La tecnología de una base de datos de ADN forense básicamente incluye 3 partes: coleccionar las muestras de los criminales conocidos o de otros individuos que determine la ley; analizar estos especímenes y guardar sus perfiles de ADN electrónicamente dentro de la base de datos; comparar subsecuentemente los perfiles desconocidos “Q” de la escena del crimen con los perfiles conocidos “K” de la base de datos de ADN computarizada.

Otras cuestiones importantes para la creación de una base de datos de ADN, incluyen la seguridad de la información contenida en ella, la capacidad de realizar búsquedas rápidas y coincidencias efectivas de un gran número de archivos, garantizar que los datos presentados de delincuentes y escenas del crimen sean de alta calidad, adaptándose a los cambios de la tecnología (Butler, 2010).

Debido al constante avance en la tecnología del ADN y en la computación, las bases de datos de ADN deben ser lo suficientemente flexibles para manejar estos cambios. Además se debe estar prevenido por si en un futuro se utilizan otro tipo de marcadores genéticos. Realmente todas estas cuestiones implican tiempo y dinero, pero a la larga es una gran inversión (ver Anexo).

7.1.- Privacidad

Uno de los mayores desafíos para mantener una base de datos de ADN es la cuestión de la privacidad y seguridad de la información guardada. Se cree que la información sobre los marcadores genéticos de cada perfil pueden ser usados en contra de las personas, pues se cree que los alelos dan información sobre

enfermedades, cosa que no es verdad, la información de la base de datos es útil solamente para pruebas de identificación humana.

Otro punto sobre la privacidad, radica en que se piensa que cualquier persona tendrá acceso a la información, es decir a los perfiles y a los datos que se guardan sobre el delincuente, sin embargo no es así, se debe tener una estricta seguridad donde sólo el personal calificado pueda tener acceso a esos datos. En Estados Unidos no se guarda la información sobre el delincuente en la base de datos más que el perfil, los únicos que tienen acceso a la información sobre el delincuente en sí, son las agencias del orden; la NPIA (The National Policing Improvement Agency) es la encargada de resguardar la NDNAD del Reino Unido, de evitar posibles pérdidas, destrucción o daño intencional o no de las muestras por el personal de los laboratorios. Estas reglas son publicadas en la Estructura Política de la Seguridad (Security Policy Framework, SPF), (NPIA, 2009).

7.2.- Retención de muestras

Existen muchas críticas sobre las bases de datos de ADN respecto al guardado de las muestras una vez extraído el perfil genético. Hay dos razones principales para retener las muestras. La primera de ellas, es porque a las muestras se les obtiene el perfil nuevamente cuando se encontró coincidencia, esto con el único fin de asegurar que no hubo errores o contaminación en la extracción, lo que contribuye al control de calidad de los laboratorios. Otra razón para retener las muestras es para poder analizarlas mediante la tecnología futura.

En el Reino Unido lo que rige el resguardo de las muestras de ADN y los Perfiles Genéticos de la NDNAD está estipulado en el Acta de Evidencia Criminal y Policiaca de 1984, modificada por el Acta de Justicia Criminal y Policiaca 2001 y por el Acta de Justicia Criminal 2003. Ellas actualmente permiten que se tomen y guarden las muestras indefinidamente a personas que cometieron o no el crimen (NPIA, 2009). En Enero de 2006 la Asociación de Jefes de Policía (Association of Chief Police Officers, ACPO¹) recomendó que se remuevan las muestras al cumplir los 100 años dentro de la base de datos de ADN.

En Escocia la legislación es diferente a la de Inglaterra y Gales, los perfiles de ADN obtenidos de las muestras tomadas de los arrestados pueden solo retenerse en la NDNAD si aun no se resuelve el caso, o si se le detiene a una persona por algún delito violento en los que dicten o no la culpabilidad del caso pero que se abandonó el caso por alguna razón; la muestra se guarda por 3 años o se le puede agregar 2 años más según lo decidan los comisarios.

¹. La Asociación de Jefes de Policía (The Association of Chief Police Officers, ACPO), es una organización independiente, un cuerpo de estrategia profesional, con un interés público y con una relación activa e igual con el Gobierno y la Asociación de Autoridades de Policía, por lo que dirige y coordina la dirección y el desarrollo del servicio de policía en Inglaterra, Gales e Irlanda del Norte (NPIA, 2009).

8.- VENTAJAS Y DESVENTAJAS DE UNA BASE DE DATOS DE ADN

8.1.- Ventajas

Las bases de datos de ADN han tenido sin duda el más grande impacto en el sistema de justicia penal en los últimos años. Como se ha reportado en el Reino Unido, Estados Unidos, Canadá y Australia, los crímenes en serie han sido conectados y resueltos; los autores en los casos sin sospecha inicial han sido llevados ante la justicia; la inocencia de personas injustamente encarceladas ha sido verificada cuando la evidencia postconvicto ha coincidido con otro delincuente.

Las Bases de datos de ADN han demostrado su capacidad de servir como herramientas valiosas en impulsar las investigaciones policiales. Su eficacia sigue creciendo a medida de que el tamaño de las bases de datos se hace más grande. Estas bases de datos se pueden utilizar para localizar a personas sospechosas en los casos de crímenes violentos que de ninguna otra manera se han resuelto. Sin embargo, con el crecimiento y el éxito de las bases de datos de ADN, los asuntos de la privacidad han sido planteados en relación con el uso y el potencial de expansión de las bases de datos de ADN.

Un papel importante en el que las bases de datos de ADN pueden servir es para hacer asociaciones entre los grupos de casos sin resolver. Los delincuentes no respetan la misma zona geográfica, por lo que un crimen puede cometerlo en un lugar y el siguiente a miles de kilómetros de distancia, siendo necesario buscarlos en las diferentes bases de datos de ADN locales y nacionales.

La información del perfil de ADN debe estar en la base de datos para que sea de valor. Durante muchos años, se han guardado muestras de escenas del crimen o de delincuentes que están en espera de ser procesadas y de guardarse en la base de datos de ADN , pues estos delitos ocurrieron mucho antes de que se diera esta revolución tecnológica (Butler, 2010).

La identificación a través del análisis del ADN se realiza sobre regiones no codificantes del genoma, es decir, aquellas que no contienen información alguna sobre las características fenotípicas de las personas. Esto es, que por medio del análisis forense del ADN no se puede saber si un individuo es rubio, alto, gordo, ni conocer si va a sufrir alguna enfermedad o si tiene tendencia a padecer determinados tipos de patologías, ya que el ADN no codificante no contiene esa información.

Las muestras archivadas en esas bases de datos, al margen de las garantías que el sistema de cada país disponga para evitar el mal uso, no podrán ser utilizadas en otros estudios clínicos por la cantidad de material (que es mínima, suficiente para el estudio forense, pero insuficiente para un análisis clínico) y por las condiciones y características del mismo, ya que este se guardan en forma de manchas secas, con lo cual la calidad del ADN se verá afectada (Lorente, 2004).

Una base de datos de ADN no está destinada a sustituir a la investigación penal convencional. La base de datos debe identificar a los sospechosos potenciales, cada uno de los cuales pueden ser investigados por expediente.

El creciente uso de pruebas de ADN minimizará el riesgo de futuras condenas injustas. Un estudio del FBI indica que las pruebas de ADN han excluido el principal candidato en el 25% de los casos de asalto sexual. Por otra parte, el ADN se puede encontrar en la evidencia que ha existido durante décadas, y ayudar así a revertir errores anteriores de la justicia.

La precisión de cualquier perfil genético depende del número de genes examinados, al aumentar este número, el poder de discriminación de ese perfil en la población crece.

Los STRs son los marcadores genéticos preferidos porque son de procesamiento rápido, es abundante en el genoma, es altamente variable en varias poblaciones, su tamaño pequeño facilita su desarrollo usando varios a la vez, en donde los marcadores alélicos simplifican la interpretación, además de que la PCR permite el uso de pequeñas cantidades de ADN aunque esté degradado (Butler, 2004).

La información de un Perfil Genético usado por las autoridades no debe mostrar información personal. No debemos tener miedo de que usen la información que proporcionamos para asuntos irregulares puesto que el ADN sólo será utilizado en la detección de la delincuencia.

8.2.- Desventajas

La mera creación de una base de datos no debe ser el remedio para la detección de delitos. El gasto inicial y permanente de una base de datos de ADN sería un grave desvío de los limitados recursos.

Aproximadamente 1 de cada 20 personas se encuentran dentro de la NDNAD, estos incluyen el 8% de la población masculina. Las preocupaciones éticas han sido planteadas como discriminatorias contra sectores vulnerables de la sociedad. 75% de los hombres jóvenes negros de entre 15 a 34 años de edad están en la base de datos de ADN, mientras que sólo 22% de los hombres blancos de la misma edad se encuentran en la NDNAD (Goodwin, 2007).

La toma de muestra biológica tendría que ser obligatoria, pues de lo contrario los responsables de cometer el crimen, simplemente se negarán a darla. Si dan la muestra, y resultan inocentes serán eliminados de la investigación policial.

Es probable que más delitos sean perseguidos por causa de gran cantidad de evidencia circunstancial. Además, existe la posibilidad de que no sólo la policía, sino también el jurado, serán cegados por la ciencia, es decir se deben realizar investigaciones que ayuden a complementar la evidencia mostrada por el estudio del ADN.

9.- ASPECTOS ESTADÍSTICOS A RESOLVER CON UNA BASE DE DATOS DE ADN

Uno de los problemas más grandes en la actualidad es la delincuencia. Respecto a esto existen muchos tipos de delitos, tales como, homicidios, robos de todo tipo e índole, delitos sexuales (violaciones, estupro, abuso sexual), para entender con mayor claridad cómo es que una base de datos de ADN ayuda a la resolución de estos se citaran ejemplos de casos que se llegan a trabajar en la PGJDF.

El tráfico humano genera más de nueve mil quinientos millones de dólares al año en todo el mundo, y detrás de estas actividades hay redes bien organizadas que operan también en nuestro país. Tal es el caso del albergue Casitas del Sur donde se registraron varios niños desaparecidos (Cruz, 2010). Otro caso similar se presentó sobre el albergue Abulam en donde se explotaba a los niños sexual y laboralmente (Hernández, 2010). Albergues donde se realizaron operativos por la Procuraduría General de Justicia del Distrito Federal. En estos casos, es de suma importancia saber que una base de datos de ADN será útil para la resolución de problemas sociales, como cuando familiares de los niños que se encuentran en calidad de desaparecido lleguen a ser encontrados, tendrá que ser necesario hacer la confronta genética con los familiares en cuestión (paternidad, maternidad), y si ya se tienen los perfiles almacenados de los mismos, entonces se minimizaría el tiempo de respuesta al caso (Cruz, 2010).

De igual manera, los secuestros son unos de los principales problemas en el Distrito Federal, y en la mayoría de los casos el secuestrado termina mutilado de alguna parte de su cuerpo, algunas veces terminando con la vida de la víctima, y

los familiares al hacer la denuncia del secuestro deben donar muestra biológica para realizar futuras confrontas con los Perfiles Genéticos de las partes mutiladas por los secuestradores (Nila, 2005).

9.1.- Casos de paternidad y maternidad

Como la base de datos genéticos es útil en casos donde menores o mayores buscan a sus familiares, más específicamente hablaremos de casos de paternidad en los que podemos tener que, un menor recuperado busca a sus padres y padres que buscan a sus hijos o bien, son familiares que buscan en ciertos restos cadavéricos a su hijo(a). Después de obtener los perfiles entre un supuesto padre y un hijo en disputa, existen dos resultados posibles al comparar sus perfiles:

1) Que para al menos dos alelos no sean heredados del padre al hijo, luego entonces no exista ninguna igualdad entre los alelos/genotipos del supuesto padre al hijo, lo que se denomina *exclusión*, y se descarta de inmediato la paternidad biológica.

2) Que los alelos y genotipos si los haya heredado del padre al hijo en todos los marcadores analizados excepto en uno, lo que se puede interpretar como que el presunto padre si es el padre biológico del hijo en disputa.

Para establecer lo propuesto anteriormente y hacer esta valoración correctamente es necesario contar con la base de datos estadística, para determinar y saber que es único como sistema, y conocer la frecuencia de los alelos y genotipos de la población de aquellos que comparte el padre y el hijo (Rangel, 2010).

El siguiente ejemplo muestra la importancia de estos datos poblacionales, supongamos que en una prueba de paternidad el alelo concordante entre el supuesto padre e hijo lo tiene el 95% de las personas de la población mexicana, ¿esta sería una prueba contundente en el caso?, seguro que no, inclusive podemos inferir que esta es una evidencia muy pobre y que sería injusto concluir, considerando solo esta evidencia, que el supuesto padre es realmente el padre biológico, ya que la mayoría de varones que hubieran puesto en su lugar hubiera coincidido con el hijo. Por el contrario, si el alelo concordante entre el supuesto padre e hijo es muy raro y se observa solo en 1 de cada 10,000 personas de la población, intuitivamente inferimos que esta evidencia es valiosa para establecer la paternidad, ya que sería muy poco probable que hubiera concordado el hijo con el supuesto padre si éste último no lo fuera realmente.

Las frecuencias poblacionales para hacer esta interpretación se obtienen de estudios en la población donde se realizan las pruebas de ADN y, preferentemente, deben estar publicados en revistas científicas (Rangel, 2010).

9.1.1.- Índice de Paternidad (IP) y Probabilidad de Paternidad (W)

Haciendo algunas simplificaciones diremos que la interpretación de un caso de paternidad consiste en contrastar dos hipótesis o posibilidades contrarias:

X: el supuesto padre (SP) es el padre biológico del hijo (H)

Y: el supuesto padre (SP) NO es el padre biológico y por lo tanto, es otro hombre.

A este contraste se le conoce como índice de paternidad (IP), que indica cuantas veces es más probable que el SP sea el padre (X), respecto a que no lo sea (Y), y suele describirse como:

$$IP = X/Y.$$

El IP se estima a partir de los alelos/genotipos de cada STR usado en una prueba de paternidad; luego se obtiene un IP total multiplicando el IP de todos los STRs, es decir: **IP total**= IPSTR-1 x IPSTR-2 x IPSTR-3 ...así sucesivamente. Otra manera de interpretar el IP total es convirtiéndolo a probabilidad de paternidad, ampliamente conocido como W, usando la siguiente fórmula:

$$W = IP / (1 + IP).$$

De la fórmula de $IP = X/Y$, normalmente X equivale en probabilidad a uno, ya que asume que el SP *sí* es el padre biológico; otra forma de describir esta probabilidad de haber encontrado esa concordancia pero en porcentaje es 100%. Mientras como Y asume que SP *no* es el padre, entonces se infiere que fue otra persona de la población y su probabilidad corresponde a la frecuencia poblacional del alelo

concordante entre SP y H. Estas frecuencias se obtienen preferentemente de estudios genético poblacionales del lugar donde se hizo la prueba, ya que las frecuencias pueden variar entre una población y otra, por tal razón es necesaria una base de datos. Otro detalle importante que se observa en las fórmulas para calcular el índice de paternidad (IP), es que no todas son iguales, principalmente cambia la probabilidad de que sea un hombre al azar (Y), ya que la fórmula depende de la combinación de genotipos del trío, y particularmente involucra al alelo que concuerda entre SP y H. Por ejemplo, la lógica de la fórmula empleada en los genotipos del trío para el STR (vWA), es que el hijo es homocigoto 16 (16/16) por lo que hay dos posibilidades de que el hijo (a) haya recibido al alelo 16 de un hombre al azar de la población, ya sea de parte de la madre o del padre, de allí que resulte la fórmula igual a $1/\text{frec}$ (frecuencia del alelo concordante SP-H); siendo más contundente para el hijo biológico (Tabla 6) (Rangel, 2010).

Tabla 6. Ejemplo de paternidad.

MARCADOR	SUPUESTO PADRE		HIJO		MADRE	
D8S1179	13	14	10	14	10	14
D21S11	28	31	32.2	31	32.2	31.2
D7S820	10	11	9	11	9	10
CSF1PO	10	11	12	11	12	12
D3S1358	15	17	15	17	15	15
TH01	8	7	9.3	7	9.3	9.3
D13S317	13	9	11	9	11	12
D16S539	9	12	11	12	11	10
D2S1338	19	19	20	19	20	19
D19S433	13	13	12	13	12	13.2
vWA	17	16	16	16	16	17
TPOX	11	12	11	12	11	12
D18S51	12	18	17	18	17	17
Amelogenina	X	Y	X	Y	X	X
D5S818	12	13	11	13	11	7
FGA	24	26	25	26	25	20
FRECUENCIA EN LA POBLACION DEL PERFIL GENÉTICO OBTENIDO ²	7,431,314,446,892,670,000		311,235,476,578,329,000,000		58,374,647,951,770,700,000	
INDICE DE PATERNIDAD	20,354,357.					
PROBABILIDAD DE PATERNIDAD	99.99999508704720 %					

². En el Distrito Federal las frecuencias alélicas son tomadas del estudio realizado por Hernández S. y colaboradores en el año 2005.

En color naranja están señalizados los alelos que comparte el supuesto padre con el hijo, observándose una concordancia de 15 de 15 marcadores (en azul se señalizan los marcadores que comparte el hijo con la madre).

Ahora bien si no se tuviera la participación de la madre dentro de este caso, entonces las probabilidades y el Índice de paternidad cambiarían de tal manera que se vería una disminución en los resultados, esto se debe a que existe una

mayor posibilidad de que un individuo cualquiera sea el donador de la mitad de los alelos del niño en disputa al no tener la certeza de los alelos donados por la madre. A pesar de esto, en general los sistemas genéticos comerciales que incluyen 15 STRs logran valores de $W > 99.999\%$ (Rangel, 2010), esta probabilidad de paternidad es comparada con los predicados de Hummel (Tabla 7) que describió los predicados verbales para armonizar los peritajes, dando un predicado a cada valor numérico de forma descendente:

Tabla 7. Predicados de Hummel.

99.73%	Paternidad “prácticamente probada”
99% a 99.72%	Paternidad “extremadamente probable”
95% a 98.99%	Paternidad “muy probable”
90% a 94.99%	Paternidad “probable”
50% a 89.99%	Paternidad más probable que no
10% a 49.99%	No Paternidad más probable que Paternidad
5% a 9.99%	Paternidad improbable
1 a 4.99%	Paternidad “muy improbable”
Menor a 0.99%	Paternidad “prácticamente excluida”

(Hummel y Gerchow 1981).

La Probabilidad de Paternidad es el valor que indica en tanto por ciento la posibilidad de que un hombre sea el padre biológico de un individuo, (Hummel y Gerchow, 1981).

Caso contrario, cuando se pide prueba de maternidad para asegurar que el hijo en disputa es pariente de la madre que lo reclama o con el fin de identificación forense, en caso de que se trate de un cadáver que no haya sido identificado, el proceso estadístico es similar al de paternidad, y de igual manera se ocupan los predicados de Hummel (Rangel, 2010).

Ahora bien, no siempre se tienen casos en los que los familiares directos reclaman la familiaridad de un individuo cualquiera, nos referimos a toda clase de situaciones de identidad y tener que aplicar las estrategias correspondientes de acuerdo al tipo de muestras de referencia, por ejemplo, el caso donde las abuelas, las tías o demás familiares y que no existen padres ni hermanos, y donde estos sean los únicos que se encuentren en calidad de reclamar al individuo como su familiar (Madariaga, 2008).

La identidad también se aplica en cadáveres irreconocibles, con un gran avance de descomposición o de quemaduras graves, en los que también es necesario contar con archivos electrónicos de sus perfiles.

El caso de hace ya más de 10 años de la discoteca “Lobohombo, donde hubo un total de 22 muertos, y que debido a la gravedad de las quemaduras y de la calcinación, los cuerpos de las víctimas fueron en un inicio imposibles de identificar, por lo que se tuvieron que tomar muestras de los tejidos o huesos que aun eran rescatables para poder obtener su perfil genético y mediante la confronta de los familiares se identificaron a las mismas. El caso es relevante, ya que el Distrito Federal cuenta con un gran número de discotecas en todas sus delegaciones, muchas de ellas no cumplen con las medidas de seguridad necesarias y aun así laboran a sabiendas que ponen en peligro la vida de sus miles de jóvenes visitantes; si el D.F. contara con la base de datos sería mucho más certera la identificación de las víctimas de siniestros, en el caso de presentarse otro tipo de caso como el mencionado, aunque sean esporádicos, y

donde la obtención de perfiles genéticos contribuyo al reconocimiento de las víctimas (Andonaegui *et-al*, 2001).

9.2.- Índice de verosimilitud (Likelihood Ratio, LH) y estadística Bayesiana

Otro aspecto estadístico que involucra casos de ADN son las confrontas genéticas, en las que se comparan dos perfiles o más de escenas del crimen junto con Probables Responsables (PR). Ejemplo de ello es en los casos de homicidio, donde existen muestras que pueden relacionar si una persona es sospechosa de privar de la vida a la víctima o no, así como en los casos de delitos sexuales (Yun *et-al*, 2009).

Para hacer más claro esto, se ejemplifica un caso de una violación hipotética en el que se tiene muestra sanguínea del Probable Responsable así como una pantaleta de la víctima en la que se encontraron células espermáticas, en los resultados se encontró un índice de verosimilitud de 27,538,098,671,085,100,000, entre los perfiles de ambas muestras, por lo que se verificó que las muestras pertenecían a la misma persona.

Tabla 8. Confronta genética.

MARCADOR	Muestra sanguínea PR		Prenda de la víctima	
D8S1179	10	10	10	10
D21S11	30	32.2	30	32.2
D7S820	11	11	11	11
CSF1PO	12	12	12	12
D3S1358	15	17	15	17
TH01	6	7	6	7
D13S317	9	14	9	14
D16S539	9	10	9	10
D2S1338	19	22	19	22
D19S433	14	15	14	15
vWA	16	17	16	17
TPOX	8	8	8	8
D18S51	17	20	17	20
Amelogenina	X	Y	X	Y
D5S818	9	10	9	10
FGA	1	21	1	21
FRECUENCIA EN LA POBLACION DEL PERFIL GENÉTICO OBTENIDO	Uno de cada 1,238,826,563,601,77 0,000,000 individuos		Uno de cada 1,238,826,563,601,77 0,000,000 individuos	
INDICE DE VEROSIMILITUD DEL PERFIL GENÉTICO OBTENIDO	27,538,098,671,085,100,000			

Un índice de verosimilitud (Likelihood ratio) involucra la comparación de las probabilidades de la evidencia bajo 2 propuestas alternativas, es decir dos probabilidades de la misma evidencia bajo dos diferentes hipótesis. En cuestión de ADN forense, estas hipótesis mutuamente excluyentes representan, por ejemplo, si un perfil de ADN obtenido a partir de una muestra de la escena del crimen concuerda con el perfil de ADN de un sospechoso, entonces hay generalmente dos posibles hipótesis: 1) el sospechoso coincide porque él dejó la muestra biológica en la escena del crimen o 2) el verdadero perpetrador no se ha

encontrado y solo sucedió la coincidencia entre el sospechoso en los marcadores de ADN examinado, por lo que pudo ser cualquiera. En términos matemáticos el índice de verosimilitud se escribe como:

$$LR = H_p / H_d$$

Donde H_p representa la hipótesis de la coincidencia número 1 y H_d representa la hipótesis número 2. Si la hipótesis H_p resulta en 1, esto quiere decir que el sospechoso cometió el crimen, de lo contrario si la muestra pertenece a otra persona de la población, así entonces puede calcularse de la frecuencia genotípica de un perfil de STR en particular. Si el resultado de la tipificación resultó heterocigoto, la probabilidad podría ser $2pq$, donde p es la frecuencia del alelo 1 y q la frecuencia del alelo 2 en la población para el locus en cuestión. Alternativamente para el homocigoto de H_d podría ser p^2 . Por lo que,

$$LR = \frac{H_p}{H_d} = \frac{1}{2pq}$$

Si el STR en cuestión fue D13S317 con los alelos 11 y 14, entonces p es 0.3394 y q es 0.04801 para una población. El índice de verosimilitud para el genotipo de D13S317 de coincidencia entonces se convierte,

$$LR = \frac{H_p}{H_d} = \frac{1}{2pq} = \frac{1}{2(0.33940)(0.04801)} = \frac{1}{0.03259} = 30.7$$

En esta simple forma el índice de verosimilitud es la estimación inversa de la frecuencia genotípica para cada locus y si sistemas de marcadores independientes son utilizados, entonces el índice de verosimilitud, es simplemente la forma inversa de la frecuencia relativa del genotipo observado en la población.

Un buen sistema de tipificación provee un grande índice de verosimilitud cuando el valor para el índice de verosimilitud es más grande que 1, entonces esto provee un soporte a la hipótesis número uno. Si, por otro lado, el índice de verosimilitud es menor que 1 entonces se comprueba casi por completo la hipótesis número 2 (Yun *et-al*, 2009).

Cuando consideramos la fuerza del índice de verosimilitud en términos de soportar la hipótesis uno, la siguiente guía se ha sugerido.

Tabla 9. Predicados de Evett y Cook. Relación biológica entre dos perfiles de acuerdo al Índice de verosimilitud.

1-10	Una relación biológica débil
10-100	Una relación biológica moderada
>1000	Una relación biológica fuerte

(Evett y Weir, 1998)

El valor obtenido del índice de verosimilitud se relaciona con los predicados de EVETT y COOK (Tabla 9), que indica el valor en escala numérica, de que un mismo perfil genético de dos o más muestras esté íntimamente relacionadas (Evett y Weir, 1998).

9.3.- Probabilidad de Coincidencia Aleatoria

Las pruebas de ADN conllevan a un poder de persuasión en el tribunal, cuando ya se presenta como prueba el perfil genético porque la probabilidad de coincidencia aleatoria (RMP, Random Match Probability), definida como la probabilidad que una persona escogida al azar tenga el mismo perfil de ADN como el obtenido de la muestra problema, es muy baja si varios loci no concuerdan. Para un perfil de 13 locus en el CODIS, el RMP típico va de 10^{-14} a 10^{-15} (Chakraborty *et-al*, 2009). Tal RMP bajo implica que un determinado perfil de ADN tenga una alta probabilidad de ser único (Budowle *et-al*, 2007; Balding, 2009).

Para calcular el RMP, el Segundo Informe Nacional del Consejo de Investigación (NRC II, second National Research Council Report) (Evetts y Weir, 1998) es generalmente como sigue: las frecuencias alélicas de cada locus se estiman para el grupo étnico del sospechoso, ya sea identificado por otras pruebas o por una búsqueda de base de datos.

Aunque existe un consenso sobre el cálculo del RMP, no se mantiene una controversia acerca de cómo presentar el RMP como prueba cuando un sospechoso ha sido identificado por una búsqueda en la base de datos de ADN. NRC II recomienda que el RMP se multiplicará por el número de perfiles en la base de datos buscado, lo que resulta en una alta pero aun pequeña probabilidad de que concuerde si el sospechoso no fue la fuente de la muestra de la escena del crimen (NRCCDNATFS, 2007).

Respecto a este cálculo podemos hacer dos preguntas diferentes pero estrechamente relacionadas. La primera es ¿cuál es el promedio de la probabilidad de que por lo menos un individuo no esté en la base de datos pero en la población tiene el mismo perfil de una muestra de la escena del crimen? Y la segunda es: ¿cuál es la probabilidad media de una atribución errónea, lo que significa que el crimen fue en realidad cometido por alguien de la población cuyo perfil no está en la base de datos? La probabilidad promedio de que alguien no esté en la base de datos pero en la población tiene el mismo perfil es de:

$$2 (N- d) p_A,$$

donde p_A es la probabilidad promedio de coincidencia (AMP, Average Match Probability), que se define como la probabilidad de que dos individuos elegidos al azar en la población tengan el mismo perfil de ADN. La AMP es diferente del RMP. El RMP es la probabilidad de que el perfil de ADN de otro individuo coincida con un perfil de ADN en particular. Por lo tanto, la probabilidad de que un individuo elegido al azar de la población tenga el mismo perfil de ADN en una muestra de la escena del crimen en un determinado caso es el RMP y es el dato estadístico de interés para presentarse como prueba en un caso relacionado con las pruebas de ADN. La AMP es la media de todos los perfiles de la población, no es un dato estadístico, en cada caso particular, y por lo tanto no debe ser presentada como evidencia. Por el contrario, el AMP es una probabilidad para determinar la fiabilidad de una serie de casos que envuelven pruebas de ADN (Yun *et-al*, 2009).

10.- OBJETIVOS

10.1.- General:

Determinar y establecer el ámbito de las base de datos de ADN con fines forenses, a fin de desarrollar una propuesta preliminar para archivar los resultados de los análisis de ADN (perfiles genéticos) resultantes de los asuntos trabajados por los laboratorios de genética forense, con un propósito criminalístico y de apoyo a órganos de justicia.

10.2.- Particulares:

- ⊕ Dar a conocer la importancia de una base de datos de ADN en el área forense.
- ⊕ Conocer las principales bases de datos de ADN con fines forenses desarrolladas en el mundo
- ⊕ Analizar la utilidad de las base de datos de ADN forense ya establecidas en otros países.
- ⊕ Analizar las ventajas y desventajas de las bases de datos de ADN con fines forenses implementadas en otros países.
- ⊕ Analizar los cálculos estadísticos necesarios para una base de datos de ADN.
- ⊕ Realizar una propuesta de manera escrita como diseño preliminar para la creación de una base de datos de ADN forense, susceptible a ser usada en un futuro por las Instituciones de Procuración de Justicia.

11.- MÉTODO

El primer paso consistió en reunir la información necesaria y útil mediante la revisión bibliográfica , recopilando información de libros, artículos de revistas, periódico, información en línea (Internet) y la experiencia obtenida al realizar el servicio social en el laboratorio de Genética Forense de la Procuraduría General de Justicia del Distrito Federal, lo que permitió comprender mejor el ámbito de las bases de datos de ADN: y posteriormente fue analizada a detalle y se sentaron las bases que debe llevar la creación de una base de datos de ADN en nuestro país.

Se realizó un estudio retrospectivo, basándonos en la información referente a las bases de datos de ADN forense funcionales en otros países.

Se utilizó el método analítico de la problemática en cuestión, para identificar las principales bases de datos del mundo así como determinar su importancia y utilidad, argumentando así las ventajas y desventajas.

Posteriormente se procedió al asesoramiento estadístico, para comprender los fundamentos del uso de las diversas fórmulas implicadas en los cálculos, tales como las frecuencias genotípicas, probabilidad de maternidad y paternidad e índices de verosimilitud.

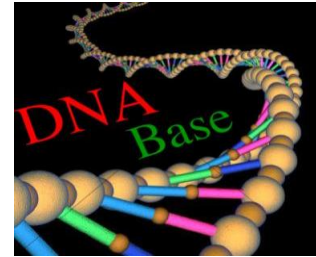
Finalmente se realizó una propuesta preliminar de una base de datos de ADN tomando en cuenta las necesidades requeridas por la Procuraduría General de

Justicia del Distrito Federal, de acuerdo a los tipos de delitos con mayor incidencia.

Para que sea funcional y con esto llegar al almacenaje de la base de datos de ADN en la PGJDF hay que tomar muestras significativas al azar de la población del Distrito Federal recabadas por los peritos expertos, para así tener el respaldo estadístico y de igual manera se comprobará la fiabilidad de la base al mostrar coincidencias dentro de los perfiles, posteriormente se deben trabajar las muestras de los casos para así obtener el perfil genético y emitir un dictamen, el cual será almacenado dentro de la base de datos de ADN que se propone.

12.- PROPUESTA PRELIMINAR DE UNA BASE DE DATOS DE ADN FORENSE

En primer lugar presentará una casilla en donde se introducirá la clave o contraseña de acceso única e intransferible así como un nombre de usuario, para ingresar al servidor principal de la base de datos.



Usuario	<input type="text"/>
Contraseña	<input type="password"/>
<input type="button" value="Iniciar sesión"/>	

Una vez que se accedió al programa aparecerán las dos principales secciones que son “Civil” y “Criminal”, estos a su vez incluirán dos apartados más que serán introducir un nuevo perfil y buscar un perfil. El apartado CIVIL incluirá dentro de los dos apartados mencionados anteriormente, las siguientes divisiones Muestras biológicas de personas desconocidas, y muestras de familiares.

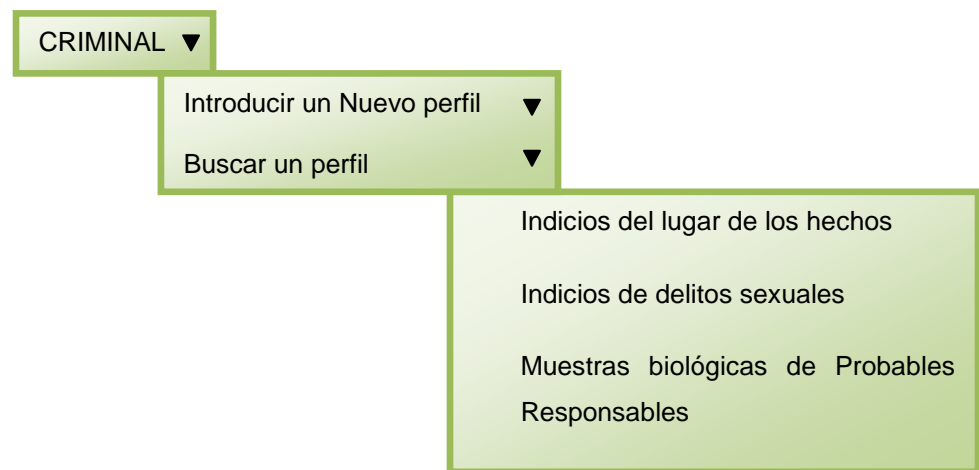
CIVIL ▼
Introducir un Nuevo Perfil ▼
Buscar un Perfil ▼
Muestras biológicas de Personas desconocidas
Muestras de familiares

Esta sección tiene como objeto obtener y almacenar información genética que facilite la solución de conflictos relativos a la filiación, es decir, en los procesos civiles de paternidad (Guridi y Francisco, 2008). Por esta razón las divisiones que

lo componen son casos en los que la mayoría de las veces solo requieren verificar este dato de familiaridad.

La sección CRIMINAL tendrá los dos apartados mencionados arriba, y estos a su vez contarán con las divisiones,

- Indicios del lugar de los hechos
- Indicios de delitos sexuales
- Muestras biológicas de Probables Responsables



La sección sólo tendrá fines de Investigación Criminal, por lo que las divisiones incluyen casos en los que se cometió algún tipo de delito o en su defecto el que probablemente lo cometió. Cabe aclarar que se decidió separar a los delitos sexuales ya que estos son los casos con mayor índice de repetitividad en el Distrito Federal obteniendo 11636 casos de esta índole entre los años 2007 -2009 siendo casi el triple que los reportados por homicidio. (PGJDF, 2007, 2008, 2009), es menester aclarar que esto a pesar de que no se ha visto en las bases de datos de ADN de los demás países, se espera juegue un papel importante para la resolución de estos en el Distrito Federal.

En cuanto a las demás divisiones, estas se tomaron en cuenta analizando los modelos de los otros países que cuentan con una base de datos de ADN, viendo que con esto se llega a tener un mejor orden y almacenamiento de las muestras (Butler, 2010).

Una vez seleccionada la división requerida dentro del apartado se encontrarán los siguientes datos y tablas:

12.1.- Apartado 1: Introducir un nuevo Perfil

Al elegir la opción de introducir un nuevo perfil es necesario registrar la información con la que se cuente en ese momento del caso, Todo esto con el fin de hacer más ágil el guardado y obtener así control de la información.

**INTRODUCIR UN
NUEVO PERFIL**

Averiguación previa:_____
Delito:_____
Perito designado:_____
Muestras trabajadas:_____
Número de control interno_____
Nombre(s) de la(s) Víctima(s)_____
Fecha en que tuvo lugar el delito_____
Fecha en que se recibieron las muestras_____
Fecha en que se trabajaron las muestras_____

SIGUIENTE

El paso siguiente constará de ingresar los alelos del perfil genético obtenido en la tabla que contiene los marcadores genéticos.

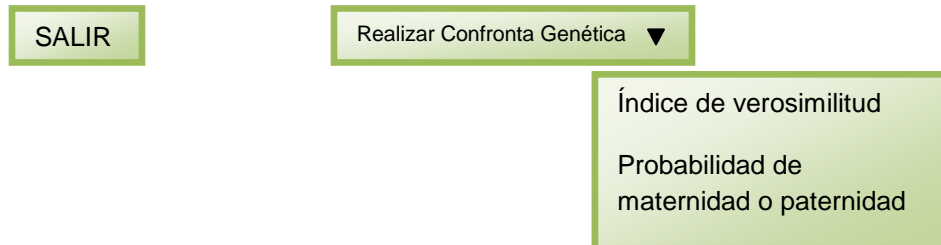
MARCADOR	No. de Control Interno	
D8S1179		
D21S11		
D7S820		
CSF1PO		
D3S1358		
TH01		
D13S317		
D16S539		
D2S1338		
D19S433		
vWA		
TPOX		
D18S51		
Amelogenina		
D5S818		
FGA		
PENTA E		
PENTA D		
FRECUENCIA EN LA POBLACION DEL PERFIL GENÉTICO OBTENIDO	Uno en cada ... individuos	

Agregar columnas ▼

GUARDAR

Se colocó la opción de agregar columnas por si se es necesario ya que en varios casos se tienen un gran número de muestras que deben trabajarse. Al finalizar el llenado se debe guardar (se guardará con el dato de Averiguación Previa), para posteriormente pasar a las opciones de Salir y realizar Confronta Genética, en la que se desplegarán las opciones de calcular entre dos o más Perfiles Genéticos el índice de verosimilitud y probabilidad de paternidad y maternidad.

Cabe destacar que el índice de verosimilitud solo se calcularía cuando se estuviera en la sección CRIMINAL, y la probabilidad de maternidad y paternidad se calcularían cuando se esté en la sección CIVIL.



Hecho el cálculo de Confronta Genética aparecerán las opciones de Guardar ese Cálculo, realizar otra Confronta Genética y Salir.



12.2.- Apartado 2. Buscar un Perfil

En esta parte, el objetivo es la búsqueda de un perfil genético dentro del programa, al introducir los alelos de los marcadores se realizará una inspección automática en la que se mostrarán resultados de coincidencia o no, o mostrar aquellos perfiles que lleguen a ser similares, de esta manera se comprobará la participación de los delincuentes en diferentes delitos.

BUSCAR UN
PERFIL

Como se mostró en un inicio al entrar a la página principal del programa, se debe elegir la sección primeramente en la que se buscará el perfil problema para después elegir el apartado de “buscar un perfil” ya ahí hay que elegir la división en la que se pretende realizar la búsqueda

A continuación se procederá al llenado de la tabla con los marcadores y alelos estudiados según la tabla que se mostró en el apartado “Introducir un nuevo perfil” entonces el programa mostrará los resultados obtenidos en la misma pantalla, de la siguiente manera.

RESULTADOS DE LA BÚSQUEDA

Se encontraron las siguientes coincidencias: **2**

Caso FGAM/GAM-8/T1/546/09-04
Caso FDS/FDS-2/T1/ 214 /09-08

Al seleccionar alguna de las coincidencias se mostrará lo siguiente:

Averiguación previa: FGAM/GAM-8/T1/546/09-04

Delito: Homicidio

Perito designado: Biól. Yolanda Santiago Moreno

Muestras trabajadas: Fragmento de tela con sangre del occiso, mancha hemática en lugar de los hechos.

Número de control interno de las muestras: 456A09 y 457A09 respectivamente

Número de intervención: I-876

Nombre(s) de la(s) Víctima(s): Alejandro Nájera Rodríguez/33 años

Fecha en que tuvo lugar el delito: 06 de Abril de 2009

Fecha en que se recibieron las muestras: 10 de abril de 2009

Fecha en que se trabajaron las muestras: 15 de Abril de 2009

MARCADOR	456A09		457A09	
D8S1179	11	11	12	12
D21S11	30	30	32	32
D7S820	11	11	12	12
CSF1PO	12	12	12	12
D3S1358	15	15	15	15
TH01	6	6	6	6
D13S317	11	11	13	13
D16S539	10	10	11	11
D2S1338	19	19	20	20
D19S433	14	14	15	15
vWA	16	16	16	16
TPOX	7	7	8	8
D18S51	17	17	16	16
Amelogenina	X	X	Y	Y
D5S818	12	12	11	11
FGA	25	25	24	24
FRECUENCIA EN LA POBLACION DEL PERFIL GENÉTICO OBTENIDO	Uno en cada 109,242,121,881,119,000,000 individuos			
ÍNDICE DE VEROSIMILITUD DEL PERFIL GENÉTICO OBTENIDO	4,031,174,127,329,280,000			

Mostrada la coincidencia, cuando se tengan más de una, se dará la opción de regresar a ver las demás coincidencias, o de lo contrario salir.

REGRESAR

SALIR

La estructura del programa para la base de datos de ADN dirigida a las Instituciones de Procuración de Justicia estuvo basada en las necesidades de la Procuraduría General de Justicia del Distrito Federal, pero como se mencionó con anterioridad las necesidades básicas de las Instituciones de Procuración de Justicia son las mismas en la República Mexicana y en varios países, por lo que esta propuesta es susceptible de ser usada por cualquier Institución de esta índole.

La base de datos será solo a nivel local, es decir está dirigida al Distrito Federal, pero es apta a ser usada en todos los estados. Debido a que la base será sobre todo de tipo criminal, y al respeto a todos los involucrados en cada caso almacenado, la base solo podrá ser usada por la PGJDF evitando así el acceso al público en general.

13.- CONCLUSIONES

La idea que surgió hace más de una década, acerca de las bases de datos de ADN, han superado los principales obstáculos científicos y legislativos que se han presentado en aquellos países donde se han desarrollado con éxito. Como resultado final surgió una herramienta forense que proporciona evidencia clave en las causas penales que han exonerado a los inocentes y han llevado a los presuntos infractores ante los tribunales.

Las Bases de Datos de ADN Forense desarrolladas en países tales como el Reino Unido, Estados Unidos, Canadá, Australia entre otros, son un brillante ejemplo de la creciente importancia de la ciencia y la tecnología en la aplicación de la ley moderna; siendo una herramienta útil para la resolución rápida de miles de casos forenses.

Hacer uso de una base de datos de ADN presenta más ventajas que desventajas, pues aunque se debe invertir mucho dinero para su creación y puesta en marcha, es una inversión que a largo plazo compensa lo invertido.

La comprensión de las bases estadísticas nos permite comprobar la efectividad de una base de datos de ADN y la certeza de que da resultados seguros y de gran confiabilidad.

El diseño o estructuración de la base de datos de ADN preliminar y escrita fue realizado para que después se tome en cuenta el modelo, y bajo esta propuesta realizarla con las bases informáticas.

La implementación de la base de datos de ADN en las Instituciones de Procuración de Justicia del país, representa una herramienta eficaz que complementa a la genética forense dentro de los juzgados en materia de lo penal, por esta razón México debe aunarse al esfuerzo de disminuir el índice delictivo haciendo uso de esta.

En nuestro país, así como en el Distrito Federal, es necesario que se legisle la creación de una base de datos de ADN para la investigación criminal, dentro de ésta se debe incluir la toma de muestras biológicas de manera obligatoria, así como retener la información derivada de ellas.

Debido a que en el Distrito Federal aquellas tendencias criminales a reincidir, tales como los delitos sexuales, llevan a buscar métodos que nos ayuden a evitar los mismos, y con ello identificar delincuentes de manera más rápida, es por ello, que una base de datos de ADN forense en el distrito federal, disminuiría notablemente este tipo de delitos.

Cabe señalar que a pesar de que El laboratorio de Genética Forense de la Coordinación General de Servicios Periciales de la Procuraduría General de Justicia del Distrito Federal cuenta con equipo de alta tecnología, además de personal calificado para realizar las actividades que este laboratorio tiene como deber ante la sociedad, es necesario que se cuente con una base de datos de ADN para así llevar a cabo el propósito de la misma, mejorando la aplicación de la ley.

Para la formación de una base de datos de ADN forense en México, paralelamente se debe crear un comité que tiene que estar formado por representantes del área forense, área legal, todos aquellos expertos en el tema, los cuales tendrían como mandato, el asesorar y facilitar el desarrollo de la misma, determinar ciertas normas para el manejo del material genético, almacenamiento, custodia, definir directrices científicas que ayuden al análisis e interpretación de evidencias, así como proporcionar fundamentos para mejorar la base.

En un futuro, con la creación de una base de datos de ADN en nuestro país, así como en cada uno de los estados de la República, se podrán hacer asociaciones entre los grupos de casos sin resolver. Los delincuentes no respetan la misma zona geográfica, siendo que un crimen pueden cometerlo en un lugar y el siguiente a miles de kilómetros de distancia del anterior, es por lo que se hace necesario buscarlos en las diferentes bases de datos de ADN nacional y locales.

Una base de datos de ADN no está destinada a sustituir la investigación penal convencional, la combinación y unión de fuerzas logra una mejora significativa en la ley.

14.- REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Andonaegui H., Silvia O. y Herrera O., (2001). Lobohombo, a seis meses. El Universal, revisado el día 20 de julio de 2010, disponible en: http://www2.eluniversal.com.mx/pls/impreso/noticia.html?id_nota=26749&tabla=ciudad.
- Balding D., (2009). When can a DNA profile be regarded as unique? Science Justice, Vol. 39, Pág. 257.
- Buckleton J., Triggs M., Walsh J., (2005). Forensic DNA evidence interpretation. Ed. CRC Press, Boca Raton, Florida, 534pp.
- Budowle B., Chakraborty R., Carmody G., Monson K., (2007). Source attribution of a forensic DNA profile. Forensic Science Com, Vol. 3.
- Butler J., (2004), Introducción a STRs Taller NEAFS, Mystic, CT Septiembre 29-30.
- Butler J., (2010). Forensic DNA Typing. Second ed., Ed. Elsevier Academic Press., 660 pp.
- Chakraborty R, Stivers D., Su B., Zhong Y., Budowle B. (2009). The utility of short tandem repeat loci beyond human identification: implications for development of new DNA typing systems. Electrophoresis. Vol.20, Pág. 1687.

- Chieri P., Zannoni A., (2001). Prueba del ADN. 2ª ed., Ed. Astrea, Buenos Aires, Argentina, 264 pp.
- Crim Trac Agency Annual Report, (2003-2010), Australia, revisado el 15 de marzo de 2011, disponible en:
http://www.crimtrac.gov.au/corporate_information/AnnualReports.html
- Cruz G., (2010). El FBI busca a menores de Casitas del Sur y a pastores de Iglesia Restaurada. La Crónica, publicado el 29 de enero del 2010, revisado el 25 de mayo del 2010, disponible en:
http://www.cronica.com.mx/nota.php?id_notas=484248.
- Evett I., Weir B., (2008). Interpreting DNA evidence. Sunderland, MA, Sinauer.
- Farfán E. M (2004), Introducción a la tecnología del ADN aplicada en el Laboratorio Forense, Instituto Nacional de Toxicología y Ciencias Forenses. Departamento de Sevilla, Pág.:3940-3943.
- Folleto CODIS, (2009), revisado el 10 de noviembre, disponible en:
<http://www.fbi.gov/hq/lab/pdf/codisbrochure2.pdf>
- Gaceta UNAM, (2007), revisado el 15 de abril de 2010, disponible en:
<http://noticias.universia.net.mx/ciencia-nn-tt/noticia/2007/01/11/desarrollan-unam-primera-base-perfiles-geneticos-pais.html>.

- Gill P., Brown R., (2008). National recommendations of the Technical UK DNA working group on mixture interpretation for the NDNAD and for court going purposes. *Forensic Science International Genetics*, Vol.2, No. 1, Pág. 78.
- Goodwin W., (2007). *An Introduction to Forensic Genetics*. Ed. John Wiley & Sons, Ltd., 151 pp.
- Guerrero A., (2008). La regulación de los datos genéticos y las bases de datos de ADN. *Criterio Jurídico*, Santiago de Cali, Vol.8, No.2, Pág.240, 241.
- Guridi E., Francisco J., (2008). *La protección de los datos de carácter personal en el ámbito de la investigación penal*. Madrid, Agencia de Protección de datos.
- Hernández S., Hernández P., Martínez S., Ramos m., Rangel H., (2005). STR data for loci in a population sample from the central region of Mexico. *Forensic Science International*, Vol. 151, Pág 97-100.
- Hernández E., (2010). En casa hogar Abulam ubicada en la Anáhuac pedían a niños cuotas de 500 pesos diarios. *La Prensa Organización Editorial Mexicana*, año LXXXII, núm. 29865, Pág. 40.
- Hummel K., Gerchow J., (1981). *Biomathematical evidence of paternity*, Berlin, Springer-Verlag.

- La impunidad, (2004), revisado el 12 de abril de 2010, disponible en http://impunidad.blogspot.com/2004_02_01_archive.html.
- Lorente A., (2004). Un detective llamado ADN. Ed. Temas de Hoy, S.A., Colección, Tanto por saber, Madrid, España, 280 pp.
- Madariaga A., (2008). Las Abuelas y la Genética el aporte de la ciencia en la búsqueda de los chicos desaparecidos. Argentina, 203 pp.
- Martín M. P., (2004), La identificación genética de restos cadavéricos, Instituto Nacional de Toxicología y Ciencias Forenses, Departamento de Madrid, Pág.:3996-3998.
- Mora J., (2008). Propuestas para la creación y regulación legal en España de una base de datos de ADN con fines de investigación criminal: Bases de datos de perfiles de ADN y criminalidad. Ed. C. Romeo Casabona, Bilbao-Granada Comares.
- National DNA Data Base NDDB Annual Report, (2010), Canadá, revisado el 14 de marzo de 2011, disponible en: http://www.nddb-bndg.org/an_report_e.htm
- National DNA Data Base, NDDB, (2006), History, Canadá, revisado el 12 de marzo de 2011, disponible en: http://www.nddb-bndg.org/history_e.htm

- Nila M., (2005). DF, primer lugar en secuestros exprés. Noticieros Televisa, revisado el 20 de Julio de 2010, disponible en: <http://www.esmas.com/noticierostelevisa/mexico/454613.html>.
- NPIA National Policing Improvement Agency, (2009). National DNA Database Annual report 2007-09. Investors in People NPIA, Pág. 33-35.
- NRCCDTFS, National Research Council Committee on DNA Technology in Forensic Science, (2007). The evaluation of forensic DNA evidence. Washington, DC, National Academy Press.
- Procuraduría General de Justicia del Distrito Federal PGJDF, (2007). Informe Estadístico Delictivo en el Distrito Federal, en el año 2007. revisado el 20 de Abril de 2010, disponible en: <http://www.pgjdf.gob.mx/temas/1-3-1/fuentes/07.pdf>.
- Procuraduría General de Justicia del Distrito Federal PGJDF, (2008). Informe Estadístico Delictivo en el Distrito Federal, en el año 2008. revisado el 20 de Abril de 2010, disponible en: <http://www.pgjdf.gob.mx/temas/1-3-1/fuentes/08.pdf>.
- Procuraduría General de Justicia del Distrito Federal PGJDF, (2009). Informe Estadístico Delictivo en el Distrito Federal, en el año 2009. revisado el 20 de Abril de 2010, disponible en: <http://www.pgjdf.gob.mx/temas/1-3-1/fuentes/09.pdf>.

- Rangel H., (2010). La prueba de paternidad con ADN, Una descripción para abogados, laboratorios clínicos y público en general. *DNA profile SC.*, Pág. 4-6.
- Semikhodskii A., (2007). *Dealing with DNA Evidence: A legal Guide*. Ed. Routledge-Cavendish, United Kingdom, 177 pp.
- World Health Organization, (2009). *Handbook Good Laboratory Practice: Quality practices for regulated non-clinical research and development*. 2nd ed., Ed. For research on diseases of poverty, 328 pp.
- Yun S., Anand P., Erin E., Murphy J.,Montgomery S., (2009). Average Probability that a “Cold Hit” in a DNA Database Search Results in an Erroneous Attribution. *Journal of Forensic Science*, , Vol. 54, No. 1
- Yunis T., Yunis L., (2002). *El ADN en la identificación humana*. Ed. Temis, Bogotá Colombia, 219 pp.
- Zogbi Distribuidora comercial, (2011), revisado el 03 de Febrero de 2011, disponible en: <http://www.dczogbi.com/genetica.html>.

Proceso básico para la colecta y procesamiento de muestras de ADN con fines de investigación

NOTA. Modelo adaptado a cualquier tipo de base de datos de ADN. Tomado de la NPIA, 2009 NDNAD.

1.- Tras la detención de un sospechoso se le tomaran las muestras necesarias para obtener la información sobre su perfil genético, huellas digitales, nombre, edad, etc.

2.- Escena del crimen: los investigadores de la escena del crimen se encargan de identificar y recolectar las pruebas de huellas dactilares, y aquellos elementos que puedan contener ADN, tales como elementos filamentosos, colillas de cigarro, vasos, latas de refresco o botellas, entre otros. Una vez recolectadas las muestras se deben colocar de manera independiente en bolsas siendo etiquetadas todas y cada una de las muestras con los datos pertinentes, para después ser llevadas al laboratorio y ser procesadas.

3.- La unidad de Fuerza del ADN: las unidades de ADN proporcionan el control en el manejo de las muestras, en el Distrito Federal esto se refiere más a las Fiscalías centralizadas y descentralizadas que se encargan de manejar las muestras y proceder al envío a la Unidad de Servicios Periciales.

4.- Los laboratorios forenses una vez analizadas las muestras de ADN, tienen el deber de guardar o almacenar cada perfil genético obtenido dentro de la base de datos de ADN.

5.- Aseguramiento de que el perfil obtenido y almacenado sea fidedigno, es decir que al volver a analizar la muestra se obtenga el mismo perfil.

6.- Reportar coincidencias dentro de la base de datos con los diferentes perfiles guardados en ella, emitiendo así un informe para posteriormente ser enviado a las autoridades pertinentes.

GLOSARIO

ARN Polimerasa: enzimas que catalizan la síntesis de los ácidos nucleicos en plantillas de ácidos nucleicos preexistentes, ensamblando el ARN de ribonucleóticos ó de ADN desoxirribonucleicos.

Alelo: un alelo son las posibilidades alternas o formas de un gen o de un locus. Típicamente múltiples alelos son posibles para cada marcador de STR.

Amelogenina: marcador genético del sexo, este gen codifica para el esmalte de los dientes, presentándose en ambos cromosomas X y Y.

Amplificación: un incremento en el número de copias de un fragmento específico de ADN.

Análisis de filiación: evaluaciones del ADN usando relaciones biológicas para predecir genotipos en individuos desaparecidos, que sirven como una forma indirecta de identificación humana, cuando no se tiene una muestra de referencia directa disponible.

Autosoma: un cromosoma que no se encuentra involucrado en la determinación del sexo, el genoma humano diploide consiste de 46 cromosomas- 22 pares de autosomas y un par de cromosomas sexuales (el cromosoma X y el cromosoma Y).

Base de datos de ADN: almacenamiento electrónico de perfiles de ADN.

Chelex: método de extracción del ADN, en donde se usa la resina Chelex, la cual produce cadenas sencillas de ADN.

CODIS: Combined DNA Index System (Sistema del índice de ADN Combinado), la arquitectura del software que corre en la base de datos de ADN de los Estados Unidos de América bajo la dirección del laboratorio del FBI.

Coincidencia: cuando Perfiles Genéticos muestran los mismos alelos en cada loci examinado.

Coincidencia de ofensores: coincidencia entre perfiles de ADN de la escena del crimen y de un individuo encontrado en la base de datos de ADN que sea un delincuente.

Coincidencia forense: coincidencias encontradas en la base de datos de ADN, en el índice forense ligados a un crimen.

Concordancia: cuando se obtiene el mismo valor en la prueba, diferentes veces.

Cromosoma: densos paquetes de ADN, que contienen proteínas histonas y no histonas; en conjunto es la estructura por la que se hereda información y es transmitida físicamente de generación en generación.

Desnaturalización: Proceso de separación de la doble cadena del ADN en cadena sencilla.

Electroferograma: es la representación gráfica de la separación de las moléculas por electroforesis en lo que los datos aparecen como picos a lo largo de una línea.

Electroforesis capilar: es una técnica electroforética para separar las moléculas de ADN por su tamaño, basados en la migración a través de estrechos tubos capilares de vidrio llenados con polimerasa.

Escalera alélica: es una mezcla de alelos comunes en un locus, usado para la calibración de las medidas de los alelos de STR y convertir el tamaño del fragmento del ADN en número, cada número de unidades repetidas en cada “peldaño” de la escalera, ha sido previamente secuenciada.

Exclusión: resultado de la prueba de ADN que indica que un individuo es excluido (no hay coincidencia) como la fuente de la evidencia de ADN, en un caso criminal una exclusión no es necesariamente igual a inocente.

FBI: Buro de Investigación Federal (Federal Bureau of Investigation).

Frecuencia Alélica: Es el cociente obtenido a partir del número de un alelo específico (n) dividido entre el total de alelos de la población (N)

Frecuencia Genotípica: es la proporción o porcentaje de individuos de cada genotipo que están presentes en la población. Se obtiene de la siguiente forma

Número de individuos de un genotipo

Número total de individuos

La suma de las frecuencias genotípicas será 1

Gen: unidad hereditaria que ocupa una posición específica (locus) dentro del genoma humano.

Genotipo: Constitución genética, de uno o más genes, de un organismo en relación a un rasgo hereditario específico o a un conjunto de ellos.

Heterocigoto: cuando se tienen alelos diferentes en un locus en particular.

Homologo: pares de cromosomas, que tiene el mismo tamaño y contienen la misma información y estructura.

Homocigoto: presencia de dos alelos idénticos en un mismo locus.

Inclusión: la habilidad de excluir un individuo como posible fuente de la muestra biológica, debido a que la coincidencia completa de entre todas las regiones examinadas de ADN producen un resultado.

Locus: Posición o localización de un gen en un cromosoma, ó un marcador de ADN en una región no codificante es llamado comúnmente locus, su plural es loci.

Marcador: un gen o secuencia de ADN específico de posición conocida en un cromosoma, usado como un punto de referencia en el mapeo de otros loci.

Muestra de la evidencia: muestra biológica recolectada de la escena del crimen o de la gente o de objetos asociados con la escena del crimen, algunas veces referidos como “Q” o muestra problema del inglés “Question simple”.

Mutación: cambio en alguna secuencia de ADN, una base por otra, una alteración o cambio de un alelo en un locus genético, resultando en una inconsistencia genética entre padres e hijos.

Pares de bases: dos nucleótidos complementarios unidos por enlaces de hidrogeno, el pareado de bases ocurre entre Adenina y Timina y entre Guanina y Citosina.

Perfil completo: resultado completo de ADN, con valores obtenidos de todo loci.

Perfil de ADN: es la combinación de genotipos obtenidos de múltiples loci. La tipificación del ADN es el proceso de determinar genotípicamente la prueba de identidad humana, para reducir la posibilidad de coincidencia al azar entre individuos desconocidos.

Poder de discriminación: el poder potencial de un marcador genético o un set de marcadores para diferenciar entre dos personas cualesquiera escogidas al azar, igual a 1 menos la suma de las frecuencias genotípicas al cuadrado.

Polimorfismo: diferencia en la secuencia del ADN entre individuos, las variaciones genéticas ocurren en más del 1% de la población, estos podrían ser considerados como polimorfismos útiles para el análisis de filiación.

Primer: cadena corta polinucleótida preexistente, usualmente de 18 a 30 bases de longitud, cuyo objetivo es permitir que la ADN polimerasa inicie la síntesis para complementar la hebra de ADN.

Probabilidad de coincidencia al azar (Random match Probability, RPM): es la probabilidad de que un perfil específico ocurra en una población específica, esto basado en la observación de las frecuencias alélicas para esa población.

Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR, Polymerase Chain Reaction):

proceso *in vitro* en el que el rendimiento es de millones de copias del ADN deseado, mediante repeticiones en ciclo de una reacción incluyendo la enzima polimerasa.

Repeticiones Cortas en Tandem (Short Tandem Repeats, STR):

secuencias repetidas una y otra vez dentro de ciertas regiones de ADN que difieren de individuo en individuo y que actualmente son usados como marcadores genéticos.

Secuencia de ADN:

el relativo orden de los pares de bases, dentro de un fragmento de ADN, un gene, un cromosoma, o un genoma entero.

Taq polimerasa:

una enzima derivada de la bacteria *Thermus aquaticus*, que es capaz de resistir temperaturas cercanas a la ebullición, ampliamente usada para las amplificaciones de PCR, por su naturaleza térmica estable.

Teorema de Bayes:

desarrollado en 1700 por el matemático británico Thomas Bayes para interpretar probabilidades de eventos al azar, estados en los que las probabilidades posteriores son iguales a las probabilidades a priori multiplicadas por el índice de verosimilitud.

Unidad repetida:

secuencia corta de ADN que se repite varias veces en un locus de STR.