

MÁS ALLÁ DEL EFECTO CSI

CLAVES PARA UNA BUENA COMUNICACIÓN DE LA GENÉTICA FORENSE

ÁNGEL CARRACEDO Y LOURDES PRIETO

La genética forense reúne los conocimientos genéticos necesarios para resolver determinados problemas judiciales. En las últimas décadas, las nuevas técnicas han mostrado el potencial del ADN como método de reconocimiento. Estos avances han ido de la mano de otras mejoras a la hora de comunicar el resultado de las pruebas con la introducción de la evaluación estadística. En el imaginario colectivo, nutrido por series como *CSI*, las pruebas forenses se presentan como seguras al cien por cien, cuando la realidad no es así. Sin embargo, el análisis estadístico ha permitido pasar de una medicina forense artesanal, basada en la intuición y la experiencia, a una basada en la evidencia, en los datos y en la que la incertidumbre se cuantifica de forma probabilística.

Palabras clave: genética forense, huella genética, criminalística, ADN, polimorfismos genéticos.

■ INTRODUCCIÓN

La genética forense es una especialidad de la genética y de la medicina legal que incluye un conjunto de conocimientos genéticos necesarios para resolver ciertos problemas judiciales. Las pruebas más comúnmente solicitadas a los laboratorios de genética forense incluyen pruebas de paternidad, de criminalística biológica (análisis de vestigios biológicos de interés criminal como manchas de sangre, espermatozoides, sudor o saliva, pelos y cabellos, muestras de contacto, etc.), casos de identificación de cadáveres y restos cadavéricos, así como otras pericias más especializadas que incluyen ADN no humano (tráfico ilegal de especies protegidas, fraudes alimentarios, etc.).

En Europa hay unos trescientos laboratorios de genética forense y en España más de cincuenta, aunque solo unos pocos están acreditados con la norma UNE-EN ISO/IEC 17025 –que garantiza la competencia técnica y la fiabilidad de sus resultados– y hacen pruebas de investigación criminal. En el resto del mundo existen aproximadamente otros ochocientos laboratorios, normalmente en países desarrollados económicamente. Europa lidera aún el campo en investigación científica pero Estados Unidos, Corea y Australia-Nueva Zelanda están teniendo un crecien-

to mayor. La medicina legal, gracias al impulso de la genética forense, es la única área del Science Citation Index (SCI) liderada por grupos españoles.¹

Una actividad de creciente importancia en la genética forense son las bases de datos de ADN con fines de identificación criminal. Están legisladas e implantadas en toda la Unión Europea, así como en otros muchos países del mundo, y representan la introducción de millones de perfiles de ADN por año.

El descubrimiento en 1985 por el grupo de Alec Jeffreys (Jeffreys, Wilson y Thein, 1985) de la llamada huella genética (esto es, el análisis de polimorfismos de ADN muy variables entre los individuos) significó un cambio radical en las posibilidades del laboratorio de genética forense.

Para que un locus génico sea polimórfico, se asume que el alelo (es decir, la variante) más común para ese locus debe tener una frecuencia menor del 99 %. Los minisatélites de ADN son repeticiones en tándem de nucleótidos con un número de repeticiones muy variables entre individuos, esto es, altamente polimórficas.

**«UNA ACTIVIDAD DE
CRECIENTE IMPORTANCIA
EN LA GENÉTICA FORENSE
SON LAS BASES DE DATOS
DE ADN CON FINES DE
IDENTIFICACIÓN CRIMINAL»**

¹ <http://archive.sciencewatch.com/ana/fea/11julaugFea>



Antes del uso del ADN, la mayoría de los casos de investigación de la paternidad se solucionaban con marcadores clásicos como grupos sanguíneos o variantes de proteínas y enzimas sanguíneas. Sin embargo, el uso de polimorfismos del ADN ha simplificado la prueba, y la ha hecho más barata y segura. Ofrece, además, mayores posibilidades de resolución en casos difíciles, como aquellos en los que el presunto padre ha fallecido y hay que realizar la investigación de la paternidad a través de restos cadavéricos o de familiares directos del mismo, o en los diagnósticos prenatales de paternidad (en casos de violación, por ejemplo). Todos estos casos eran difícilmente abordables con la metodología anterior al descubrimiento de los polimorfismos de ADN repetitivo y particularmente del polimorfismo de los microsatélites, que son repeticiones en tándem cortas, de dos a seis pares de bases (aunque en genética forense no se usan las de dos o tres pares de bases porque producen artefactos técnicos que complican el análisis). Los microsatélites o STR² son menos polimórficos que los minisatélites, pero se prefieren porque son susceptibles de amplificación por PCR (reacción en cadena de la polimerasa en sus siglas en inglés³), permiten una automatización del procedimiento y se analizan simultáneamente más de veinte de ellos (seleccionados y validados por los laboratorios forenses). Poseen un poder de discriminación enorme y se ha conseguido un alto grado de estandarización técnica a nivel mundial, lo que ha permitido un extenso intercambio de datos, controles de calidad muy rigurosos y una alta seguridad en los análisis.

En identificación de restos óseos la revolución ha sido también importante, aunque hay casos de notable dificultad por la degradación del ADN en las muestras. En ocasiones hay que recurrir al análisis del ADN mitocondrial, que, aunque no es tan variable como el nuclear, posee un mayor número de copias, por lo que es más probable encontrar un fragmento intacto cuando el ADN está muy degradado. No se puede usar, lógicamente, en pruebas de paternidad porque su herencia es por vía materna, pero permite la reconstrucción de linajes y así fue empleado por primera vez en la identificación de los restos de la familia Romanov, el último zar de Rusia y su familia, asesinados en la Revolución bolchevique.

Gracias al ADN se han resuelto numerosos casos de gran importancia en todo el mundo como la identificación de desaparecidos en la dictadura argentina. Tam-

² Por las siglas en inglés de *Short Tandem Repeats*.

³ *Polymerase Chain Reaction*.



Jane Gitschler

El descubrimiento en 1985 por el grupo de Alec Jeffreys (en la imagen) de la llamada huella genética (esto es, el análisis de polimorfismos de ADN muy variables entre los individuos) supuso un cambio radical en las posibilidades del laboratorio de genética forense.

«LAS TÉCNICAS DE SECUENCIACIÓN DE NUEVA GENERACIÓN ESTÁN PRODUCIENDO UNA REVOLUCIÓN»

bién han sido y están siendo investigados muchos desastres de masas y enigmas históricos.

En criminalística biológica la revolución ha sido total, particularmente en el análisis de manchas de esperma, de pelos y cabellos, saliva, o manchas minúsculas de sangre, dado que, en estos vestigios, se podía dar muy poca información

sobre la persona a quien pertenecen utilizando marcadores clásicos. Hoy, a partir de un único cabello, de un mínimo número de espermatozoides o de una mancha envejecida de sangre se puede, en muchas ocasiones, aportar datos de gran valor sobre la individualidad de ese vestigio, algo impensable hace pocos años.

También es especialmente importante la aplicación del polimorfismo del ADN en los delitos contra la libertad sexual, delitos en los que, ante la negativa del presunto culpable, no suelen existir más pruebas indiciarias que las proporcionadas por posibles restos de esperma en prendas y en cavidad vaginal o anal. El esperma es un vestigio idóneo para el análisis de ADN y los marcadores clásicos apenas aportaban datos de utilidad salvo en casos excepcionales.



Sergio Moises Paneli Pitrau



En el caso de mezclas hombre-mujer con escaso componente masculino, ha sido de enorme importancia la introducción de los microsatélites de cromosoma Y, ya que, si la cantidad de ADN masculino es escasa en el total de la muestra, no se podría ver su perfil de microsatélites de cromosomas autosómicos por un inconveniente técnico de la PCR, que es la amplificación preferencial de la clase más abundante.

Incluso se puede, hoy en día, analizar ADN a partir del simple contacto con un objeto, aunque la baja cantidad de ADN y la contaminación hacen muchas veces difícil la interpretación de los hallazgos.

El potencial del ADN como medio de identificación hizo que pronto se propusiese la realización de bancos de datos de perfiles de ADN de delincuentes. Así se implantaron en Inglaterra en 1995, seguido de Irlanda del Norte y Escocia en 1996. Nueva Zelanda también los puso en marcha en 1996, mientras que Países Bajos, Eslovaquia y Austria lo hicieron un año después, en 1997. Estados Unidos, Alemania y Eslovenia, en 1998, fueron los siguientes y poco a poco todos los demás países avanzados los fueron implantando y fueron

**«NO ES FUNCIÓN DEL
PERITO FORENSE EMITIR
UNA OPINIÓN SOBRE LA
CULPABILIDAD O INOCENCIA
DEL SOSPECHOSO»**

desarrollando una legislación específica. En España están regulados por la Ley Orgánica 10/2007, de 8 de octubre, reguladora de la base de datos policial sobre identificadores obtenidos a partir del ADN. También en diciembre de 2008 se aprobó la creación de la Comisión Nacional para el uso forense del ADN (Real Decreto 1977/2008, de 28 de noviembre).

Hay que mencionar que, aunque los microsatélites de ADN que se incluyen en bases de datos no proporcionan información médica relevante en la mayoría de los casos, tampoco son completamente neutrales y se puede obtener con ellos datos de alteraciones cromosómicas, particularmente en cromosomas sexuales y algunas enfermedades infrecuentes, por lo que se trata de una información sensible.

Quizás la aplicación más novedosa de la genética forense actual es lo que se denomina fenotipado forense por ADN (Kayser y De Knijff, 2011), que incluye la determinación del origen geográfico, de las características físicas y de la edad de la persona que ha dejado una muestra biológica con fines de investigación policial.

Para la determinación de la ancestralidad se usan unos polimorfismos nucleotídicos simples (SNP)⁴ específicos denominados marcadores informativos de ancestros (AIM)⁵ que tienen diferencias muy importantes entre poblaciones. Este tipo de prueba la empleamos con éxito por vez primera en los atentados del 11-M de Madrid de 2004 para predecir el origen geográfico de perfiles no identificados encontrados en objetos importantes para la investigación judicial del caso (Phillips et al., 2009). La eficacia del método es muy alta, hasta el punto de poder predecirse con una elevada probabilidad en la mayoría de los casos si una muestra es sureuropea o norteafricana, dos poblaciones muy próximas geográficamente y con una larga historia compartida.

Los SNP son también importantes para predecir características físicas de un individuo a partir de una muestra con fines de investigación policial. Así, a partir de un vestigio biológico, ya se puede decir con alta probabilidad el color de los ojos y se han desarrollado paneles de SNP al efecto, así como herramientas matemáticas para la predicción.

También un campo emergente es la determinación de la edad del individuo que dejó una muestra biológica a través de marcadores de metilación. Cerca de



Gracias al ADN se han resuelto numerosos casos de gran importancia en todo el mundo como la identificación de desaparecidos en la dictadura argentina. En la imagen, fotos en memoria de los desaparecidos en un pasillo de la Facultad Regional de Avellaneda de la Universidad Tecnológica Nacional en Villa Dominico (Argentina).

⁴ Por las siglas en inglés de *Single Nucleotide Polymorphisms*.

⁵ Por las siglas en inglés de *Ancestry Informative Markers*.



un 20 % de la variación de metilación en el genoma humano se correlaciona con la edad. Con ensayos en un grupo selecto de marcadores de metilación nos hacemos una idea cada vez más aproximada de la edad del individuo (el error medio es de menos de tres años).

Se está progresando mucho igualmente en el análisis del origen del fluido biológico detectado (esto es, si es semen, esperma, saliva, sangre menstrual, etc.) mediante el análisis de microARN o expresión de ARN mensajero (mARN), lo que es relevante para muchos casos criminales.

Las técnicas de secuenciación de nueva generación también están produciendo una revolución al permitir el análisis simultáneo de microsatélites, SNP para identificación, AIM y análisis de marcadores de características físicas y abriendo nuevas posibilidades para el análisis de ADN no humano (metagenómica, análisis de suelos, de polen, tráfico ilegal de especies protegidas, etc.). Incluso se ha logrado, mediante el análisis masivo de genomas completos, diferenciar gemelos univitelinos, uno de los retos tradicionales en el campo forense.

Finalmente hay que indicar que este es un campo donde la estandarización y el control de calidad es muy importante, lo que se ha visto facilitado por la organización de la gran mayoría de los peritos en el seno de la Sociedad Internacional de Genética Forense y sus grupos de trabajo. Uno de ellos, el Grupo de Habla Española y Portuguesa, es el que organiza el mejor control de calidad (*proficiency testing*) existente.

■ LA COMUNICACIÓN DEL VALOR DE LA PRUEBA

Seguramente el avance más importante en la historia de las ciencias forenses haya sido la introducción de la valoración estadística de la prueba en los informes forenses. Esta ha supuesto el paso de una medicina forense artesanal basada en la intuición y experiencia, que aplica modelos heurísticos y que da un valor absoluto a la opinión del perito, a una medicina forense basada en la evidencia, en la que la opinión se basa en datos, en el razonamiento y en la que la incertidumbre de la opinión se cuantifica de forma probabilística. Se trata precisamente de la diferencia entre una evidencia científica y la opinión de un experto.

La genética forense fue pionera en la cuantificación del valor de la prueba mediante probabilidades. Cuan-

«INCLUSO SE HA LOGRADO, MEDIANTE EL ANÁLISIS MASIVO DE GENOMAS COMPLETOS, DIFERENCIAR GEMELOS UNIVITELINOS, UNO DE LOS RETOS TRADICIONALES EN EL CAMPO FORENSE»



Uno de los problemas más importantes en medicina forense es el llamado «efecto CSI». Muchas de las pruebas forenses se presentan en las series de televisión como infalibles, seguras al cien por cien y que no dejan margen de duda, cuando la realidad es muy distinta: las pruebas forenses tienen un grado variable de validez científica. En la imagen, una fotografía promocional de la serie.

do se analizan polimorfismos genéticos en manchas biológicas y se trata de ver si corresponden a un individuo, cuyo ADN también es analizado, hay que calcular la probabilidad y esta se ofrece al juez de modo que pueda combinar la información obtenida en la prueba de ADN con otras informaciones no genéticas obtenidas durante la investigación. Y ello es posible valorando la prueba desde un punto de vista bayesiano.

Así, el perito forense puede evaluar los resultados de su analítica desde dos puntos de vista contrarios y mutuamente excluyentes (desde la perspectiva de la acusación y desde la de la defensa), a través de un cociente llamado razón de verosimilitud o LR.⁶ Por ejemplo:

H_a (hipótesis de la acusación) = el vestigio hallado en la escena del crimen pertenece al acusado.

H_d (hipótesis de la defensa) = el vestigio hallado en la escena del crimen NO pertenece al acusado.

El LR mide la probabilidad de haber obtenido los resultados del análisis genético de la evidencia y de la muestra del acusado bajo las dos hipótesis mencio-

⁶ Por las siglas en inglés de *Likelihood Ratio*.



nadas. En otras palabras, mide cuántas veces es más probable haber obtenido los resultados genéticos si suponemos que el acusado dejó el vestigio en comparación al supuesto de que otro individuo dejase el vestigio en la escena del delito. Y se formula de la siguiente forma:

$$LR = \frac{\text{Probabilidad de la evidencia suponiendo que el vestigio es del acusado. } P(E/Ha)}{\text{Probabilidad de la evidencia suponiendo que el vestigio NO es del acusado. } P(E/Hd)}$$

siendo E = evidencia (el resultado genético en la muestra hallada en la escena y en la muestra del acusado) y P = probabilidad.

Un LR de 200 significa que es 200 veces más probable hallar el perfil genético encontrado en el vestigio de la escena si suponemos que lo dejó el acusado (Ha) que si suponemos que lo dejó otra persona (Hd). En



El ADN forense es una prueba científicamente válida pero la información que proporciona varía de un caso a otro y por eso es tan importante la comunicación del valor de la prueba en términos de probabilidad.

**«LA VALORACIÓN ESTADÍSTICA
DE LA PRUEBA EN LOS INFORMES HA
SUPUESTO EL PASO DE UNA MEDICINA
FORENSE ARTESANAL, BASADA
EN LA INTUICIÓN Y EXPERIENCIA,
A UNA BASADA EN LA EVIDENCIA»**

muchos casos, los LR obtenidos con la prueba genética van a ser abrumadores (LR del orden de millones, es decir, muy a favor de la hipótesis del fiscal), pero esto no es siempre así, pues hay veces en que no se logran buenos resultados en el análisis de la evidencia biológica (por el mal estado de conservación del ADN o por la poca cantidad que contienen).

Esta manera de evaluar la prueba permite al jurista combinar los resultados del análisis genético con otros resultados no genéticos obtenidos tras la investigación del hecho delictivo. Esto es, multiplicando el valor obtenido en el LR por el valor de la prueba no genética (llamada probabilidad *a priori*). El resultado de esta multiplicación es lo que llamamos probabilidad *a posteriori* (es decir, la probabilidad de la «culpabilidad» según la evidencia, que es lo que el juez quiere saber). Su formulación es:

$$Pa \text{ posteriori} = Pa \text{ priori} \times LR$$

Para calcular la probabilidad *a priori*, el juez debe valorar toda la información de la investigación en forma de apuesta. El juez tiene una idea de la «culpabilidad» o «no culpabilidad» del acusado antes de realizar la prueba genética por medio de la evaluación de otros indicios (testigos que lo pudieron identificar en la escena, ausencia de coartada, etc.). Esta información se puede plasmar en forma numérica (por ejemplo, 1.000 a 1 a favor de la inocencia si el juez considera que el acusado es inocente con muchas posibilidades). El juez puede integrar toda la información simplemente haciendo una multiplicación de su probabilidad *a priori* por el LR, y obtener así la probabilidad *a posteriori* de culpabilidad.

Así, por ejemplo, si el juez tiene pruebas no genéticas que incriminan al acusado (por ejemplo 1.000 a 1 a favor de la culpabilidad) y además se analiza un rastro de sangre hallado en su ropa que coincide con el perfil genético de la víctima (por ejemplo, con un LR = 1 millón), la probabilidad *a posteriori* de culpabilidad se ve muy incrementada por el LR, es decir, por la prueba científica (1.000 veces 1 millón).

Por contra, si se está analizando un filtro de cigarrillo encontrado en la escena (vivienda de la víctima), cuyo perfil genético es completo y coincide con el perfil del acusado, pero el juez sabe que esa evidencia puede haber aparecido en la escena sin que ello implique culpabilidad (por ejemplo, porque víctima y sospecho convivían y no se dispone de otra información), su probabilidad *a priori* debe ser baja. Y, por tanto, la probabilidad *a posteriori* se vería menos incrementada por la prueba científica a pesar del elevado LR. En el caso extremo, si el juez estuviera seguro de que el acusado es inocente, la probabilidad *a posteriori* sería 0 a pesar de contar con un LR de millones.



En estos ejemplos se ve claro que es el juez el que debe valorar la evidencia en conjunto y con la aproximación bayesiana se evita que el perito haga las funciones de juez. El perito genetista no dispone de la información no genética que el juez conoce y no es su función de experto emitir una opinión sobre la culpabilidad o inocencia del sospechoso. La valoración que realiza de la prueba genética mediante el LR es aséptica, y ello garantiza que no esté influenciada por opiniones o informaciones que puedan llegarle por otros medios (por ejemplo, prensa o televisión).

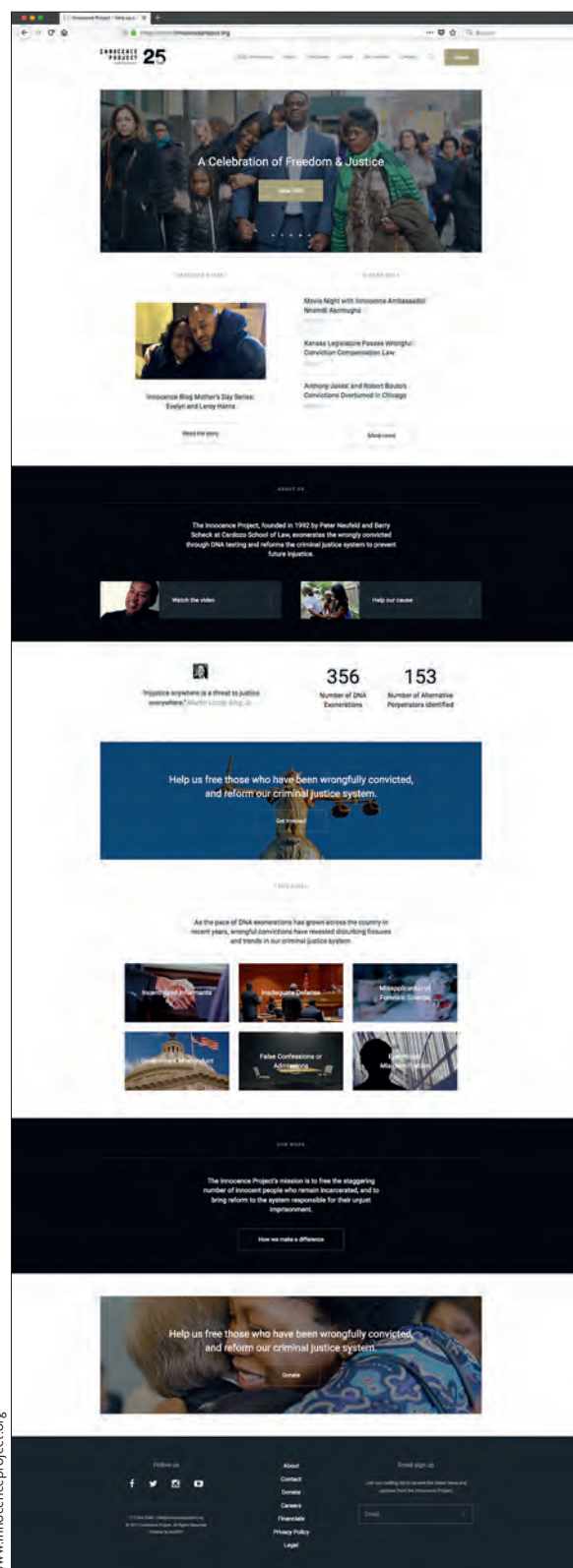
A pesar de las ventajas que tiene la valoración de la prueba desde el punto de vista bayesiano, esta valoración no está exenta de errores y malinterpretaciones. Uno de los más comunes es confundir el LR con la probabilidad *a posteriori*. Por ejemplo, una forma correcta de expresar con palabras un LR = 1.000 sería: «Es mil veces más probable evidenciar este perfil genético (el resultante de los análisis) en la muestra de la escena si el perfil procede del acusado que si procede de otra

«LOS PERITOS ESTAMOS HACIENDO ESFUERZOS PARA MEJORAR LA COMUNICACIÓN Y HACERLA MÁS JUSTA Y MENOS PROPENSA A ERRORES DE INTERPRETACIÓN»

persona al azar de la población española.» Sin embargo, a veces el LR se traduce en palabras de forma errónea. Por ejemplo: «Es mil veces más probable que este perfil proceda del acusado en comparación con que proceda de otra persona al azar de la población española.»

En el ejemplo correcto estamos valorando la evidencia (el perfil genético hallado en la misma) suponiendo dos hipótesis (que proceda o no del acusado). En términos matemáticos se traduce en $P(E/H_a) / P(E/H_d)$, justamente la definición de LR. Sin embargo, en el ejemplo incorrecto estamos hablando de las probabilidades de las hipótesis (el perfil procede del acusado o no) sin tener en cuenta la evidencia; es decir, estamos realmente definiendo algo muy distinto. En términos matemáticos sería $P(H_a) / P(H_d)$, lo cual no define el LR.

Intuitivamente es muy fácil confundir la pregunta que se hace el juez con la del perito. El juez se pregunta cuál es la probabilidad de culpabilidad dado el resultado de la prueba del ADN, y el perito la probabilidad de que la prueba de ADN haya dado un resultado concreto porque pertenezca al acusado respecto a que no pertenezca a este. El confundirlo o transmitirlo incorrec-



La iniciativa Innocence Project ha permitido, mediante la utilización de modernas pruebas de ADN, exonerar ya a más de trescientas personas falsamente acusadas.



tamente se denomina condicional traspuesto y es una de las causas de error más grandes en la interpretación (Carracedo y Prieto, 2014; Evett, 1995).

Los peritos, mediante diversas iniciativas, estamos haciendo esfuerzos para mejorar la comunicación y hacerla más justa y menos propensa a errores de interpretación pero sería necesario un esfuerzo similar por parte del mundo judicial. En la formación de jueces y fiscales debería figurar la interpretación y valoración de las pruebas forenses y, en particular, del ADN forense.

■ LA MEDICINA FORENSE Y LOS MEDIOS DE COMUNICACIÓN

Uno de los problemas más importantes en medicina forense es el llamado «efecto *CSI*». Muchas de las pruebas forenses se presentan en las series de televisión como infalibles, seguras al cien por cien y que no dejan margen de duda, cuando la realidad es muy distinta: las pruebas forenses tienen un grado variable de validez científica, como puso de manifiesto el informe *PCAST* (President's Council of Advisors on Science and Technology) publicado en 2016 por la Oficina Ejecutiva del Presidente de los Estados Unidos (The International Association for Identification, 2018). El ADN forense es una prueba científicamente válida, pero la información que proporciona varía de un caso a otro y por eso es tan importante la comunicación del valor de la prueba en términos de probabilidad.

Desde el consorcio EUROFORGEN (2017) se ha promocionado la guía *Making sense of forensic science* ("Entendiendo la ciencia forense") para explicar todo lo referente a las posibilidades del ADN forense así como sus limitaciones y con ejemplos concretos sobre cómo una mala interpretación puede dar lugar a errores de los que ni peritos ni tribunales estamos exentos.

La iniciativa Innocence Project⁷ ha permitido mediante la utilización de modernas pruebas de ADN exonerar ya a más de trescientas personas falsamente acusadas. Los errores en la identificación por testigos es la causa más importante de errores, pero la pericia forense erróneamente interpretada no es una causa menor.

La clave, como en tantas otras cosas, está en la educación. Educación de las personas del mundo del derecho, especialmente jueces y fiscales, y de la población en general, que le permita analizar críticamen-

te las noticias. En relación con estas, los medios de comunicación tendrían que comprometerse no solo a informar sino a contribuir a la educación mediante la divulgación, particularmente en un campo como este tan propenso al sensacionalismo. La adopción de unos estándares éticos estrictos por parte de los medios responsables en la divulgación de este tipo de noticias sería también conveniente, de manera que, respetando la libertad de información, también respeten la independencia de los jueces y peritos así como los principios generales del derecho. ☺

REFERENCIAS

Carracedo, A. & Prieto, L. (2014). Valoración de la prueba genética. En M. Casado, & M. Guillén (Eds.), *ADN forense: Problemas éticos y jurídicos* (pp. 145–156). Barcelona: Observatorio de Bioética y Derecho, Universidad de Barcelona.

EUROFORGEN. (2017). *Making sense of forensic genetics*. Londres: Sense about Science. EUROFORGEN. Consultado en <http://senseaboutscience.org/wp-content/uploads/2017/01/making-sense-of-forensic-genetics.pdf>

Evett, I. W. (1995). Avoiding the transposed conditional. *Science and Justice*, 35(2), 127–131. doi: 10.1016/S1355-0306(95)72645-4

Jeffreys, A. J., Wilson, V., & Thein, S. L. (1985). Hypervariable minisatellite regions in human DNA. *Nature*, 314, 67–73. doi: 10.1038/314067a0

Kayser, M., & De Knijff, P. (2011). Improving human forensics through advances in genetics, genomics and molecular biology. *Nature Reviews Genetics*, 12(3), 179–192. doi: 10.1038/nrg2952

Ley Orgánica 10/2007, de 8 de octubre, reguladora de la base de datos policial sobre identificadores obtenidos a partir del ADN. (2007). Consultado en <https://www.boe.es/buscar/act.php?id=BOE-A-2007-17634>

Phillips, C., Prieto, L., Fondevila, M., Salas, A., Gómez-Tato, A., Álvarez-Dios, J., ... Lareu, M. V. (2009). Ancestry analysis in the 11-M Madrid bomb attack investigation. *PLOS One*, 4(8), e6583. doi: 10.1371/journal.pone.0006583

Real Decreto 1977/2008, de 28 de noviembre, por el que se regula la composición y funciones de la Comisión Nacional para el uso forense del ADN. (2008). Consultado en <https://www.boe.es/buscar/doc.php?id=BOE-A-2008-19992>

The International Association for Identification. (2018). *PCAST report – Forensic science in criminal courts: Ensuring scientific validity of feature-comparison methods*. Consultado en https://www.theiai.org/president/201609_PCAST_Forensic_Science_Report_FINAL.pdf

Ángel Carracedo. Catedrático de Medicina Legal de la Universidad de Santiago de Compostela (España). Director del Instituto de Medicina Legal de la Universidad de Santiago de Compostela de 1994 a 2012. Actualmente coordina el Grupo de Medicina Xenómica y dirige el Centro Nacional de Genotipado. Es jefe de grupo de investigación en el Centro de Investigación Biomédica en Red de Enfermedades Raras (CIBERER). Ha recibido numerosos galardones, como el Premio Jaume I de Investigación Médica y el Premio Nacional de Genética. Es doctor *honoris causa* por diversas universidades. ✉ angel.carracedo@usc.es

Lourdes Prieto. Doctora en Biología. Investigadora adscrita al Instituto de Ciencias Forenses de la Universidad de Santiago de Compostela (España). Vicepresidenta del GHEP-ISFG (Grupo de Habla Española y Portuguesa de la Sociedad Internacional de Genética Forense). Cuenta con una gran experiencia en genética forense y ha intervenido en numerosas acciones humanitarias internacionales de identificación.

⁷ <https://www.innocenceproject.org>