



Centro Universitario de la Defensa en la Escuela Naval Militar

TRABAJO FIN DE MÁSTER

*Optimización de los procesos de identificación genética en
grandes catástrofes utilizando la Base de Datos Genética Nacional*

Máster Universitario en Dirección TIC para la Defensa

ALUMNO: Eusebio López Reyes

DIRECTOR: Francisco Javier Rodríguez Rodríguez

CURSO ACADÉMICO: 2025-2026

Universida_{de}Vigo



Centro Universitario de la Defensa en la Escuela Naval Militar

TRABAJO FIN DE MÁSTER

*Optimización de los procesos de identificación genética en
grandes catástrofes utilizando la Base de Datos Genética Nacional*

Máster Universitario en Dirección TIC para la Defensa

Universida_{de}Vigo

RESUMEN

La gestión de la identificación genética en *Sucesos con Víctimas Múltiples (SVM)* implica desafíos inherentes, condicionados por factores críticos y escenarios altamente complejos, dinámicos e impredecibles en los que la toma de decisiones exige rapidez, precisión y un soporte sólido basado en evidencias. En este contexto, la eficacia del proceso identificativo depende de la capacidad de adaptación y mejora continua, garantizando la trazabilidad, seguridad y fiabilidad en cada fase del análisis genético y de su posterior integración en la *Base de Datos Nacional de ADN* para cotejo.

A esta complejidad técnica se suma el marco organizativo español, caracterizado por la participación de múltiples instituciones con competencias en genética forense (Policía Nacional, Guardia Civil, Mossos d'Esquadra, Ertzaintza, Policía Foral e Instituto Nacional de Toxicología). Todas ellas operan bajo una estructura jerárquica que articula nodos locales (*LDIS*) y un nodo central (*SDIS*). Aunque este modelo es sólido, requiere protocolos homogéneos que aseguren interoperabilidad, coordinación y consistencia en el uso del software nacional *CODIS-SQL* y de su módulo *Pedigree Tree (PT)*, tratando de minimizar errores y riesgos operativos.

En este escenario, la optimización de recursos técnicos, el uso adecuado de herramientas especializadas, la previsión operativa y la coordinación interinstitucional, se convierten en elementos estratégicos ante situaciones de alta incertidumbre. La incorporación del software *CODIS* y su módulo *PT*, junto con técnicas genéticas complementarias (Haplotipo de Cromosoma Y, ADN mitocondrial), permite superar las limitaciones del modelo tradicional, reduciendo falsos negativos y aumentando significativamente la tasa de identificación y seguridad, en contextos de *SVM* con el uso de Bases de Datos Genéticas.

El presente Trabajo Fin de Máster aborda dos factores diferenciadores: el diseño de un protocolo técnico de gestión de perfiles en la *Base de Datos Nacional de ADN* que garantice una respuesta coordinada, eficiente y conforme a la normativa vigente; y la aportación de valor desde la perspectiva de las Tecnologías de la Información, analizada mediante el modelo Gartner, mostrando cómo la tecnología aplicada a la genética forense incrementa la eficacia del sistema nacional de identificación genética en situaciones de grandes catástrofes.

PALABRAS CLAVE

Base de Datos, Grandes Catástrofes, ADN, Procesos, Valor, Víctimas Múltiples

GLOSARIO DE ACRÓNIMOS

ADN	Ácido Desoxirribonucleico
ADNmt	ADN Mitocondrial
BD	Base de Datos
CODIS	Combined DNA Index System
COMSIGENI	Comité regulador y coordinador del Sistema de Gestión Nacional de identificadores obtenidos a partir del ADN
CPLR	Combined Pedigree Tree Likelihood Ratio
CR-Y	Cromosoma Y
DVI	Disaster Victim Identification
DRS	Direct Reference Sample
EMPOP	EDNAP Mitochondrial DNA population database
FBI	Federal Bureau of Investigation
IV	Índice de Verosimilitud
IP	Índice de Paternidad
JPLR	Joint Pedigree Tree Likelihood Ratio
LDIS	Local DNA Index System
LOA	Letter of Agreement
LR	Likelihood Ratio o Índice de Verosimilitud
PT	Pedigree Tree
STR's	Short Tandem Repeats
SDIS	State DNA Index System
SVM	Sucesos con Víctimas Múltiples
XML	Extensible Markup Language
YHRD	Y-Chromosome STR Haplotype Reference Database
Y-STR's	Short Tandem Repeats correspondientes al Haplotipo de Cromosoma Y

TÉRMINOS Y DEFINICIONES

ADN Autosómico: ADN que se encuentra en el núcleo de las células eucariotas y vinculado con los cromosomas no sexuales.

ADN Mitocondrial: ADN circular que tienen las Mitocondrias con un total de 16.569 pares de bases.

Alelo: Versiones alternativas de la secuencia de ADN y que presenta una ubicación concreta en el genoma. Se les relaciona con los *STR's* que aparecen asociados a un marcador genético.

Amelogenina: Marcador que permite determinar el género del donante de ADN.

Base Nitrogenadas: Cada una de las moléculas que constituyen la cadena de ADN. (Adenina, Guanina, Citosina y Timina).

Búsqueda en HIGH: Algoritmo de búsqueda en *CODIS* que trata de encontrar la perfecta correspondencia de los alelos de cada marcador (*STR's*).

Búsqueda en LOW: Algoritmo de búsqueda en *CODIS* que trata de encontrar compatibilidades de al menos uno de los alelos obtenidos por el análisis de cada marcador (*STR's*), para identificar a un cadáver o resto humano.

Candidate: Perfiles genéticos ofertados por una base de datos genética, en correspondencia con las búsquedas realizadas por coincidencia o compatibilidad con el uso de *STR's*, *Y-STR's* y ADN Mitocondrial.

Clúster Poblacional: Grupo de sujetos agrupados en función de alguna característica o variable.

***CODIS*:** Software desarrollado por el FBI que permite almacenar y buscar perfiles genéticos constituidos por *STR's*, *Y-STR's* y ADN Mitocondrial, con el uso de diferentes algoritmos de búsqueda.

Coincidencia genética: Cuando se genera una perfecta correspondencia entre los marcadores genéticos analizados (*STR's*, *Y-STR's* y ADN Mitocondrial) en una base de datos genética.

***Combined Pedigree Tree Likelihood Ratio*:** Cálculo estadístico que emite el software *CODIS* en base al producto de los valores obtenidos para los *STR's* autosómicos, los *Y-STR's* del haplotipo de Cromosoma Y, y el ADN Mitocondrial.

Compatibilidad genética: Cuando dos perfiles genéticos comparten al menos uno de sus alelos y que permiten realizar búsquedas para determinar relaciones de parentesco en una base de datos genética.

Cromosoma: Estructura en la que se compacta la cadena de doble hélice del ADN. El número varía en función de la especie.

***DRS*:** Direct Reference Sample, que hace referencia a muestras atribuidas en vida que pueden portar células de una persona a la que se quiere identificar de forma genética (cepillo de dientes, maquinilla de afeitar, etc.). También se incluyen las muestras conocidas como custodiadas (biopsia, espermatozoides congelados, cordón umbilical, etc.).

EDNAP Mitochondrial DNA population database: Base de datos genética de referencia internacional para el cotejo del *ADNmt*.

Gameto: Cada una de las células sexuales, masculina y femenina que, con su unión, generan un nuevo ser vivo.

Genotipo: Información genética completa que define a un individuo de cualquier especie.

Haplotipo de Cromosoma Y: Cromosoma sexual involucrado en la determinación del sexo masculino para todas las especies vivas.

Índice de Paternidad: Cálculo estadístico que permite determinar la relación de parentesco genética entre diferentes sujetos.

Joint Pedigree Tree Likelihood Ratio: Cálculo estadístico de los *STR*'s autosómicos utilizando una frecuencia poblacional concreta y emitida por el software *CODIS*.

Lab ORI: Denominación por la que se asigna un código a cada institución que participa en la incorporación de perfiles genéticos a la base datos nacional de ADN.

LDIS: Nodo Local de la Base de Datos de ADN y localizados en las 6 instituciones públicas con competencia en materia genética (Policía Nacional, Guardia Civil, Mossos, Ertzaintza, Instituto Nacional de Toxicología y Policía Foral de Navarra).

Likelihood Ratio o Índice de Verosimilitud: Cálculo estadístico que enfrenta dos hipótesis contrarias y mutuamente excluyentes, ante la existencia de una coincidencia o compatibilidad de perfiles genéticos.

Marcador Genético: Segmento de la cadena de ADN que tiene una ubicación física conocida en un cromosoma. Se les relaciona con los *STR*'s.

Metapoblación: Población separa en el espacio físicamente y que permite diferenciar la misma en base al estudio de alguna particularidad.

Miss Match: Discrepancias generadas en las búsquedas desarrolladas en Bases de Datos genéticas, cuando no existan coincidencias entre algún/os alelo/s de los marcadores genéticos.

Mitoipo: El Mitopo, linaje, linaje genético o haplotipo, son los grupos o linajes genéticos relacionados que, a partir del ADN de las diferentes especies de animales o vegetales, se puede inferir que están filogenéticamente relacionadas.

Módulo Pedigree Tree: Módulo de trabajo en *CODIS* que permite la configuración de un árbol genealógico con todos los perfiles genéticos aportado por familiares de referencia para encontrar a personas desaparecidas.

Nucleótido: Compuesto orgánico constituido por una base nitrogenada, un azúcar y un ácido fosfórico y que aparece en todos los organismos vivos para constituir la secuencia genética de ADN.

Pedigree Generator: Hoja Access diseñada por Canadá que permite desarrollar perfiles genéticos con *STR*'s ficticios con un máximo de 13 marcadores, y relacionar hasta a 14 familiares emparentados desde primer a cuarto grado.

Pérdida Alélica: Desaparición de un alelo real correspondiente a un *STR*'s de un perfil genético por problemas vinculados con el análisis y amplificación de muestras genéticas degradadas.

Representative Specimen: Figura en *CODIS* que permite vincular diferentes perfiles genéticos a un mismo cadáver.

SDIS: Nodo Nacional de la Base de Datos de ADN ubicado en Secretaría de Estado de Seguridad en España.

Short Tandem Repeats: Repeticiones cortas en Tándem asociadas a regiones del genoma con gran variabilidad y que permiten diferenciar genéticamente a una persona.

SQL (Structured Query Language): Lenguaje vinculado con un sistema de gestión de bases de datos relacional para definir, manipular, consultar y controlar el acceso a datos organizados en tablas relacionadas entre sí mediante claves primarias y foráneas.

Target: Perfil genético problema que se lanza contra una base de datos genética para realizar búsquedas por coincidencia o compatibilidad mediante comparación por *STR's*, *Y-STR's* y *ADNmt*.

WorkStations: Estación de trabajo que permite la conexión al software *CODIS* para el desarrollo de búsquedas genéticas.

XML: Formato utilizado por *CODIS* para realizar el exportado e importado de perfiles genéticos de cualquiera de las técnicas analíticas con las que es compatible (*STR's*, *Y-STR's* y *ADNmt*).

Y-Chromosome STR Haplotype Reference Database: BD de referencia internacional para el cotejo de haplotipos de Cromosoma Y (*Y-STR's*).

AGRADECIMIENTOS

A quienes me acompañan desde el inicio de mis días y me han transmitido los valores de humildad, trabajo y honradez: Eusebio y María del Carmen, sin vosotros este camino no habría sido posible.

A mi hermana Mari, por ser mi gran apoyo y consejera en los momentos profesionales más complejos.

A quienes me sostienen cada día: Elisabeth, por ser mi compañera de viaje incluso en medio de las adversidades; y Aitana, por ser la prolongación de mi existencia y la razón que me impulsa a seguir luchando.

A Francisco Javier Rodríguez Rodríguez, tutor comprometido cuya guía y seguimiento ha sido fundamental para la mejor consecución de este trabajo.

Y a todos los que convierten mi día a día en un regalo, gracias por estar presentes.

CONTENIDO

Contenido	1
Índice de Figuras	3
Índice de Tablas.....	5
1 Motivación, objetivos y estructura	7
1.1 Motivación	7
1.2 Objetivos	8
1.2.1 Objetivo Principal	8
1.2.2 Objetivos Secundarios	8
1.3 Estructura	8
2 Metodología.....	11
2.1 Cualitativa	11
2.2 Cuantitativa	12
2.3 Evaluación y conclusión parcial	17
3 Estado del Arte	19
3.1 Grandes Catástrofes	19
3.2 Sistemas de Identificación Personal.....	21
3.3 Genética Forense.....	22
3.3.1 El ADN autosómico – STR's	22
3.3.2 El Haplotipo del Cromosoma Y (Y-STR's)	23
3.3.3 El ADN Mitocondrial	24
3.3.4 Cálculos estadísticos en genética forense	25
3.4 La Base de Datos Forense de ADN en España	29
3.5 CODIS (SQL) – Jerarquía BD España	30
3.6 Datos almacenados en CODIS	32
3.7 Evaluación y conclusión parcial	34
4 Planteamiento del problema: Justificación de la necesidad de optimización de los procesos de identificación genética	35
4.1 Algoritmos de búsqueda.....	35
4.2 Problemáticas de búsquedas en LOW	37
4.3 Módulo <i>Pedigree Tree</i> y técnicas genéticas alternativas	38
4.4 Protocolo de trabajo en grandes catástrofes	41
4.5 Evaluación y conclusión parcial	42
5 Análisis de simulacros nacionales realizados: Principales resultados y lecciones aprendidas	43

5.1 Resultados del simulacro	43
5.2 Resultados esperados en la confección de <i>Pedigree Tree</i> y Valores Estadísticos	44
5.3 Evaluación y conclusión parcial	48
6 Optimización de los procesos de identificación genética: Diseño de protocolo nacional de actuación en <i>SVM</i> y aportación de valor	49
6.1 Diseño de protocolo de actuación	49
6.2 Análisis de la aportación de valor generado por el protocolo diseñado.....	52
6.2.1 Modelo Gartner: base conceptual para la aportación de valor en TIC	52
6.2.2 Análisis del impacto del protocolo bajo el enfoque Gartner	52
7 Conclusiones y líneas futuras	57
7.1 Conclusiones	57
7.2 Conclusión Especial: Estrategia avanzada para la configuración de <i>Pedigree Trees</i>	63
7.3 Líneas futuras de investigación.....	66
8 Bibliografía.....	69
Anexo I: Listados de hojas excel con datos ante-morten	73
Anexo II: Listados de hojas excel con datos post-morten.....	76
Anexo III: Confección de <i>PT</i> y Resultados.....	79

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1. Imagen de la hoja Access para diseñar los perfiles genéticos – <i>STR's</i> autosómicos (elaboración propia).	13
Figura 2. Archivo XML generado por cada perfil, para incorporación en <i>CODIS</i> , en cada una de las técnicas evaluadas (<i>STR's</i> , <i>Y-STR's</i> y <i>ADNmt</i>) (elaboración propia).	13
Figura 3. Ejemplo de hoja Excel remitida a las instituciones con datos ante mortem (elaboración propia).	15
Figura 4. Ejemplo de hoja Excel remitida a las instituciones con datos post mortem (elaboración propia).	15
Figura 5. Esquema de herencia de gametos vinculada con el cromosoma sexual (elaboración propia).	23
Figura 6. Jerarquía BD de ADN en España (elaboración propia).	31
Figura 7. Padre o madre que buscan a hijo (elaboración propia).	39
Figura 8. Madre e hijo que buscan a esposo y padre respectivamente (elaboración propia).	39
Figura 9. Dos tíos que buscan a sobrino (elaboración propia).	40
Figura 10. Hermano que busca a hermano (elaboración propia).	40
Figura 11. Ejemplo de hoja Excel remitida a las instituciones para completar los resultados vinculados con los familiares buscadores (elaboración propia).	44
Figura 12. Compatibilidades ofertadas por la BD en las búsquedas PT y resultados estadísticos (elaboración propia).	46
Figura 13. Compatibilidades ofertadas por la BD en las búsquedas PT y resultados estadísticos (elaboración propia).	46
Figura 14. Compatibilidades ofertadas por la BD en las búsquedas PY y resultados estadísticos (elaboración propia).	47
Figura 15. Compatibilidades ofertadas por la BD en las búsquedas PT y resultados estadísticos (elaboración propia).	47
Figura 16. Hoja Excel remitida a Policía Nacional con la información vinculada a los datos ante mortem de los familiares de referencia. La misma información remitida a Guardia Civil en el ejercicio duplicado <i>DVI-II</i> (elaboración propia).	73
Figura 17. Hoja Excel remitida a Ertzaintza con la información vinculada a los datos ante mortem de los familiares de referencia. La misma información remitida a Policía Foral en el ejercicio duplicado <i>DVI-II</i> (elaboración propia).	74
Figura 18. Hoja Excel remitida a Mossos con la información vinculada a los datos ante mortem de los familiares de referencia. La misma información es remitida a Toxicología en el ejercicio duplicado <i>DVI-II</i> (elaboración propia).	75
Figura 19. Hoja Excel remitida a Policía Nacional vinculada con los datos post mortem. La misma información es remitida a Guardia Civil en el ejercicio duplicado <i>DVI-II</i> (elaboración propia).	76
Figura 20. Hoja Excel remitida a Ertzaintza vinculada con los datos post mortem. La misma información es remitida a Policía Foral en el ejercicio duplicado <i>DVI-II</i> (elaboración propia).	77
Figura 21. Hoja Excel remitida a Mossos vinculada con los datos post mortem. La misma información es remitida a Toxicología en el ejercicio duplicado <i>DVI-II</i> (elaboración propia).	78

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1. Probabilidad herencia alélica de ascendientes y descendientes en primer grado (elaboración propia).	26
Tabla 2. A prioris asignados y resultados estadísticos en el Índice de Parentesco (elaboración propia).	26
Tabla 3. Ejemplo de código alfanumérico almacenado en <i>CODIS</i> (elaboración propia).	32
Tabla 4. Ejemplo de coincidencia en <i>HIGH</i> entre <i>Unidentified Person VS Missing Person</i> con los alelos coincidentes en color azul (elaboración propia).	36
Tabla 5. Ejemplo de coincidencia en <i>LOW</i> entre <i>Unidentified Person VS Biological Father</i> con los alelos coincidentes en color azul (elaboración propia).	36
Tabla 6. Fases del protocolo nacional de identificación de cadáveres en grandes catástrofes (elaboración propia).	51
Tabla 7. Aportación de valor del “Protocolo Nacional de Identificación de Cadáveres en Grandes Catástrofes con el uso de perfiles genéticos en <i>CODIS</i> ” (elaboración propia)	55

1 MOTIVACIÓN, OBJETIVOS Y ESTRUCTURA

1.1 Motivación

Las bases de datos genéticas [1] se han consolidado como herramientas fundamentales en el ámbito forense, especialmente en la resolución de delitos, la identificación de personas desaparecidas y cadáveres sin identificar. Su uso ha potenciado enormemente las capacidades de la genética forense, convirtiéndola en una prueba clave en la administración de justicia. Sin embargo, el proceso de identificación genética puede verse afectado por diversos factores [2], como el estado de los restos humanos y la calidad de las muestras aportadas por familiares [3], lo que se vuelve especialmente complejo en casos de sucesos con víctimas múltiples (*SVM*).

En España, el *software CODIS-SQL* desarrollado por el FBI [4] se utiliza desde el año 2000 para gestionar perfiles genéticos. Este sistema opera con una estructura jerárquica que incluye un nivel *nacional* (*SDIS*) y varios niveles *locales* (*LDIS*) [1], lo que complica la implementación de nuevos protocolos de búsqueda. Aunque *CODIS* ha evolucionado con algoritmos más eficaces, su uso requiere formación especializada y validaciones constantes para garantizar resultados precisos, especialmente en contextos de alta complejidad como los *SVM*.

Ante las limitaciones del sistema tradicional y que serán detallados en el presente trabajo, en 2019 se introdujo el módulo *Pedigree Tree (PT)*, que permite construir árboles genealógicos e incorporar marcadores genéticos adicionales como el ADN Mitocondrial y el cromosoma Y. Esta innovación ha mejorado significativamente la capacidad de identificar cadáveres, incluso cuando los familiares de referencia son de segundo grado. No obstante, su implementación ha sido desigual entre las instituciones, lo que ha dificultado su aprovechamiento pleno.

Para abordar esta situación, en 2022 se llevó a cabo un simulacro nacional de grandes catástrofes, con el objetivo de familiarizar a todas las instituciones con el uso del módulo *PT* y establecer un protocolo técnico común. Esta iniciativa busca incrementar la eficacia en la coordinación interinstitucional y una mejora de procesos, para garantizar una respuesta rápida y eficaz en la identificación genética de víctimas, fortaleciendo así el papel de la BD Nacional de ADN en situaciones críticas.

1.2 Objetivos

Los objetivos planteados en el presente Trabajo Fin de Máster se desglosan en dos grupos:

1.2.1 Objetivo Principal

Desarrollar un protocolo técnico como mejora de procesos que sirva de manual de referencia a las instituciones usuarias del software *CODIS* en la jerarquía de BD Nacional de ADN en España y que permita el desarrollo de las operaciones necesarias para aumentar la eficacia y eficiencia en las identificaciones genéticas vinculadas a “*Sucesos con Víctimas Múltiples*” (*SVM*). Con este protocolo se pretende eliminar la generación de falsos negativos por la incorrecta confección de *PT*, por la falta de integración de estudios alternativos genéticos o por otras circunstancias vinculadas con este tipo de casuística que, en ocasiones, precisa de planteamientos operativos complejos para garantizar la mejor destreza en el desarrollo de búsquedas genéticas en la BD Nacional de ADN [5].

1.2.2 Objetivos Secundarios

- i. Familiarizar a las instituciones que forman parte de la jerarquía de BD de ADN en España en el manejo del *Módulo de búsqueda PT*, con la finalidad de identificar a personas desaparecidas y cadáveres sin identificar en cualquier contexto.
- ii. Aumentar la capacidad de desarrollar de forma eficaz y eficiente los procesos de implementación de búsquedas de cadáveres y restos humanos con los familiares de referencia en *SVM* y que eviten el cruce con los cadáveres, restos humanos y familiares preexistentes almacenados en la BD de ADN.
- iii. Implementar las mejores opciones de diseño de los árboles genealógicos por *PT* para situaciones concretas y complejas, en las que existan varios cadáveres pertenecientes al mismo núcleo familiar y/o los familiares buscadores tengan relación de parentesco a partir de segundo grado.
- iv. Concretar las limitaciones que tiene el software *CODIS* en búsquedas complejas utilizando el módulo *PT* para conocer las situaciones en las que no sería posible obtener resultados evaluables e identificar la casuística en la que se pueden esperar falsos negativos.
- v. Dotar a las instituciones participantes en la jerarquía de la BD Nacional de ADN de la necesaria capacidad para afrontar de forma individual y autónoma en su propio nodo local (*LDIS*), la identificación de cadáveres y restos humanos en *SMV* con el uso del *Módulo PT*, tanto para catástrofes abiertas (en donde no se conocen a las personas implicadas) como cerradas (en donde existe listado biográfico de las posibles víctimas), mejorando los procesos establecidos a nivel interno para cada institución.
- vi. Establecer un protocolo adecuado para desarrollar entre diferentes nodos locales (*LDIS*) y a través de la BD Nacional (*SDIS*), la identificación de cadáveres y restos humanos en *SMV*, cuándo varias instituciones deban abordar el análisis de perfiles genéticos en cualquier tipo de catástrofes.

1.3 Estructura

El presente Trabajo de Fin de Máster se inicia con un glosario de términos y definiciones que facilitan la comprensión del contenido técnico, y se estructura en siete capítulos principales:

En el primer capítulo se aborda la Motivación y Objetivos que justifican el desarrollo del trabajo, el contexto de las grandes catástrofes y la relevancia de la identificación genética como herramienta forense. Se definen los objetivos principales y secundarios, así como el alcance del estudio y se concreta la estructura en la que se desarrolla el trabajo.

En el capítulo segundo (Metodología) se explica el enfoque metodológico seguido: revisión bibliográfica, análisis normativo y desarrollo práctico mediante simulacros nacionales (*DVI-I* y *DVI-II*)

llevados a cabo por todas las instituciones que forman parte de la jerarquía nacional de Base de Datos de ADN en España, para establecer el punto de partida diseñar el protocolo técnico. También se describe la configuración de perfiles, árboles genealógicos y parámetros estadísticos (*JPLR*, *CPLR*).

En el tercer capítulo (Estado del Arte) se analiza la evolución de los sistemas de identificación personal, con especial atención al ADN forense y sus técnicas (STR autosómicos, Y-STR y ADN Mitocondrial). Se revisa la normativa aplicable (*LO 10/2007*, *LO 7/2021*, *RD 32/2009*, *Directiva UE 2016/680*) y se describe la estructura jerárquica de la *sql* en España (SDIS/LDIS).

En el cuarto capítulo (Planteamiento del Problema) se detallan las limitaciones del método tradicional basado en búsquedas *LOW* en *CODIS*, la problemática de compatibilidades fortuitas y falsos negativos, así como la necesidad de incorporar algoritmos avanzados y técnicas complementarias para mejorar la eficacia en *SVM*.

En el quinto capítulo (Análisis y Resultados), se presentan los resultados obtenidos en los simulacros, comparando el rendimiento del módulo *PT* frente a algoritmos tradicionales. Se analiza la mejora en la tasa de identificación, la reducción de compatibilidades adventicias y la optimización del tiempo medio de respuesta (*TMR*).

En el sexto capítulo (Diseño del protocolo y Aportación de Valor) se integran dos apartados que abordan el diseño del protocolo de actuación, que establece las fases operativas, roles, herramientas y salvaguardas para la aplicación coordinada del módulo *PT* en *CODIS* y la aportación de valor desde *TI*, que aplica el *modelo Gartner* (Run, Grow, Transform, Protect) para evidenciar cómo la tecnología contribuye a la resiliencia, eficacia y cumplimiento normativo, incluyendo KPIs y roadmap.

En el séptimo capítulo (Conclusiones) se sintetizan las principales conclusiones del trabajo, destacando la relevancia del protocolo y la aportación tecnológica para la identificación genética en grandes catástrofes. Se proponen recomendaciones para la mejora continua y futuras líneas de investigación.

Finalmente, el trabajo incluye la bibliografía empleada y los anexos con documentación técnica, y ejemplos de configuración de *PT*.

2 METODOLOGÍA

Dado el carácter del presente trabajo, se abordará el desarrollo metodológico a partir de dos enfoques complementarios: el cualitativo y el cuantitativo. La combinación de ambas perspectivas permite obtener una visión más completa y profunda del tema estudiado, integrando tanto el análisis numérico de los datos y su resultado, como la interpretación de aspectos subjetivos, contextuales y experienciales. A continuación, se detallarán las características y procedimientos de cada metodología, así como su aplicación concreta en el marco de esta investigación.

2.1 Cualitativa

En el desarrollo metodológico del presente trabajo con relación a la fundamentación teórica (estado del arte), se han revisado artículos y revistas científicas de interés en las diferentes bases de datos proporcionadas a través de páginas webs de PubMed, ScienceDirect, FSI Genetics, Dialnet y Scielo, para la obtención de artículos científicos en los que buscar información concreta relacionada con:

- grandes catástrofes,
- sistemas de identificación personal,
- genética forense vinculada con *STR's* [6], *Y-STR's* [7] y *ADN Mitochondrial (ADNmt)* [8],
- cálculos estadísticos para cada una de las técnicas de análisis anteriores,
- las bases de datos genéticas en España y
- el *Software CODIS*.

Gran parte de los artículos utilizados en este estudio procedentes de las webs de *FSI Genetics*, *ScienceDirect* y *PubMed*, se encuentran redactados en lenguaje anglosajón (motivo por el cual se hace referencia a los mismos en el apartado de bibliografía y webgrafía en su idioma oriundo).

En relación con este apartado, y con la finalidad de elaborar de forma oportuna la “práxis” del presente trabajo, resulta fundamental este análisis cualitativo, el cual ha permitido completar la fundamentación teórica concretando el conocimiento necesario para cimentar el posterior desarrollo práctico.

Por tanto, este apartado metodológico ha sido desarrollado como parte del estudio desde un punto de vista [9]:

- Descriptivo, al analizar y evaluar diversos artículos y publicaciones de la casuística evaluada.
- Transversal, por utilizar bibliografía y webgrafía redactada en diferente momento y sobre toda la temática evaluada.
- Retrospectivo, por la utilización de información anterior al desarrollo del apartado práctico.

2.2 Cuantitativa

Para poder llevar a cabo el desarrollo del protocolo técnico se configuró un ejercicio/simulacro para *SVM* que permitiera utilizar el módulo *PT* por todas las instituciones, y además hacerlo en el servidor real de la BD Nacional de ADN (*SDIS*) [1], por ser el único conectado de forma operativa a todas las instituciones que se integran en la Jerarquía *CODIS* – España. En este contexto, fue necesario llevar a cabo la integración de los perfiles genéticos configurados para el simulacro con todos los perfiles genéticos reales almacenados en la BD Nacional de ADN hasta esa fecha, lo que supuso un esfuerzo importante en la configuración de búsquedas que evitara el cruce de los perfiles reales con los generados en relación con el simulacro.

Las fases necesarias para el correcto desarrollo del simulacro fueron las siguientes:

a) Configuración y reparto de los perfiles genéticos.

El simulacro parte de una gran catástrofe cerrada ficticia, en la que se cuenta con un total de 71 perfiles correspondientes a cadáveres y restos humanos sin identificar (puesto que algunos de ellos aparecían desmembrados) obtenidos del lugar del suceso y cuya categoría de perfil corresponde con *Unidentified Person*. Por otro lado, en cuanto a la recogida de datos *ante mortem*, se parte de un total de 42 familias buscadoras (correspondientes a 55 perfiles genéticos) con diferentes grados de parentesco, para la confección de los árboles genealógicos definidos en *CODIS* como *PT* y vinculados con todas las categorías de perfiles de familiares correspondientes a: *Biological Father*, *Biological Mother*, *Biological Child*, *Biological Sibling*, *Maternal Relative*, *Paternal Relative* y *Spouse*.

No se utilizaron perfiles genéticos vinculados con la categoría de perfil *Missing Person*, puesto que esta categoría está incluida en las búsquedas rutinarias en *HIGH*, en donde no existe ninguna problemática operativa y en la que todas las instituciones en España cuentan con experiencia.

Los perfiles genéticos fueron diseñados desde cero para los *STR's* autosómicos utilizando una hoja *Access* llamada *Pedigree Generator*, que fue facilitada a la administración nacional de la BD de ADN en España por las autoridades canadienses operativas en la BD de ADN de ese país. Con esta hoja *Access* es posible configurar estructuras familiares, y asignar alelos (*STR's autosómicos*) a los perfiles de forma aleatoria y hasta cuarto grado de parentesco, permitiendo incluso introducir mutaciones para dificultar las búsquedas utilizando el Módulo *PT* en *CODIS*.

El máximo número de perfiles genéticos que se pueden configurar en una sola vez con esta herramienta y para el mismo árbol genealógico es de 14, y el mayor número de *STR's* obtenidos para cada perfil genético es de 13 marcadores más la *amelogenina* (que determina el sexo). Aunque el número de marcadores no es el ideal para llevar a cabo identificaciones de cadáveres y restos humanos, para el desarrollo del ejercicio resultaba del todo conveniente, al dificultar el simulacro y evaluar las limitaciones que se podrían encontrar en su desarrollo.

Figura 1. Imagen de la hoja Access para diseñar los perfiles genéticos – *STR's* autosómicos (elaboración propia).

Con relación a la asignación de los *Y-STR's* y *ADNmt* a determinados cadáveres o familiares, en función de las necesidades de identificación, se idearon los mismos en base a completar misceláneas genéticas, utilizando diferentes perfiles reales extraídos de la BD Nacional de ADN.

Una vez obtenidos todos los valores numéricos de los perfiles para cada una de las técnicas de análisis, se asignó un Identificador de *CODIS* a cada perfil, tanto a las categorías de *Unidentified Person* como a los familiares buscadores. Seguidamente, se configuraron los archivos *XML* en cada una de las técnicas analizadas (*STR's*, *Y-STR's* y *ADNmt*) para todos los perfiles. Esto se abordó en tres ficheros separados, de forma que todos esos datos pudieran ser importados en *CODIS* de forma automática y por cada institución, en función de laboratorio (*Lab ORI*) y responsable del mismo. El archivo *XML* es un formato aceptado por *CODIS* para importar todas las técnicas analíticas vinculadas a perfiles genéticos con fines de identificación.

```
<?xml version="1.0" encoding="UTF-8" standalone="yes" ?>
<CODISImportFile xmlns="urn:CODISImportFile-schema">
  <HEADERVERSION>3.2</HEADERVERSION>
  <MESSAGE TYPE>Import</MESSAGE TYPE>
  <DESTINATIONORI>ESNESTADO</DESTINATIONORI>
  <SOURCELAB>ESNESTADO</SOURCELAB>
  <SUBMITBYUSERID>eusebio</SUBMITBYUSERID>
  <SUBMITDATETIME>2022-10-09T09:44:44</SUBMITDATETIME>
  <SPECIMEN SOURCEID="Yes">
    <SPECIMENID>DVI-10-MB2/3</SPECIMENID>
    <SPECIMENCATEGORY>Biological Mother</SPECIMENCATEGORY>
    <LOCUS>
      <LOCUSNAME>CSF1PO</LOCUSNAME>
      <READINGBY>eusebio</READINGBY>
      <READINGDATETIME>2022-10-09T09:44:44</READINGDATETIME>
      <ALLELE>
        <ALLELEVALUE>10</ALLELEVALUE>
      </ALLELE>
      <ALLELE>
        <ALLELEVALUE>10</ALLELEVALUE>
      </ALLELE>
    </LOCUS>
  </SPECIMEN>
</CODISImportFile>
```

Figura 2. Archivo XML generado por cada perfil, para incorporación en *CODIS*, en cada una de las técnicas evaluadas (*STR's*, *Y-STR's* y *ADNmt*) (elaboración propia).

Por cada institución se generaron seis ficheros *XML* con la siguiente disposición:

- Familiares *STR's*.
- Familiares *Y-STR's*.
- Familiares *ADNmt*.
- Unidentified Person *STR's*.
- Unidentified Person *Y-STR's*.
- Unidentified Person *ADNmt*.

Para desarrollar el simulacro de manera eficaz en el que todas las instituciones pudieran trabajar con un volumen representativo de cadáveres y de familiares en la confección de *PT*, además de evitar complicar en exceso las búsquedas en *CODIS*, se convino realizar el mismo por duplicado y en momentos diferentes, involucrando a tres instituciones en cada uno de ellos.

El primer simulacro nombrado *DVI-I* (del acrónimo inglés *Disaster Victim Identification*), involucraba a Policía Nacional, Mossos d'esquadra y Ertzaintza, con el siguiente reparto:

- Policía Nacional: 24 *Unidentified Person* y 14 familias buscadoras para confección de *PT*.
- Ertzaintza: 24 *Unidentified Person* y 14 familias buscadoras para confección de *PT*.
- Mossos d'esquadra: 23 *Unidentified Person* y 14 familias buscadoras para confección de *PT*.

El segundo simulacro nombrado *DVI-II*, involucraba a Guardia Civil, Instituto Nacional de Toxicología y Policía Foral de Navarra, con el siguiente reparto:

- Guardia Civil: 24 *Unidentified Person* y 14 familias buscadoras para confección de *PT*.
- Policía Foral: 24 *Unidentified Person* y 14 familias buscadoras para confección de *PT*.
- Toxicología: 23 *Unidentified Person* y 14 familias buscadoras para confección de *PT*.

Los Identificadores de *CODIS* fueron nombrados tanto para los *Unidentified Person* como para los familiares buscadores con las iniciales *DVI-I* para los perfiles utilizados en el primer simulacro, y con los correspondientes a *DVI-II* para el segundo.

b) Confección de datos biográficos ante mortem de familiares.

Una vez definidos los perfiles y ficheros a importar a *CODIS* por cada institución, fue necesario facilitar los datos biográficos y relación de parentesco *ante mortem*, para que las instituciones pudieran diseñar los *PT* correspondientes y permitir su búsqueda utilizando el *Módulo PT* con *STR's*, y añadir, si estuvieran disponibles, los análisis alternativos (*Y-STR's* y *ADNmt*) en función de la persona desaparecida buscada. Por ejemplo, si una madre busca a una hija, además de *STR's* se incluía el *ADNmt*. Para ello, se diseña una hoja Excel con la información vinculada a los familiares buscadores y que es remida junto con los ficheros *XML* correspondientes a cada una de las instituciones. Los nombres y apellidos generados de los familiares y de las personas desaparecidas, son totalmente ficticios. (Véase ANEXO I)

La hoja Excel generada se despliega por columnas con la siguiente información:

- Institución (responsable del perfil familiar),
- Specimen ID (Identificador de *CODIS*),
- Specimen Category (Categoría del perfil buscador y la relación con la persona desaparecida),

- *Y-STR* (si está disponible el análisis del haplotipo de *CR-Y*),
- *Mito* (si está disponible el análisis de *ADNmt*),
- Familiares disponibles genéticamente para la búsqueda,
- Sexo de los familiares disponibles.

Institución	Spec ID	Specimen Category	Y-STR	MITO	Familiares	Sexo
cnp	DVI-10-MB2/3	Biological Mother Hannah Badger (separada) busca a su hija Anna Abbot	no	si	Hannah Badger	Femenino
cnp	DVI-7-4-370/625	Biological Mother Kara Baker busca a su hija Sara Baker	no	si	Kara Baker	Femenino
cnp	DVI-41-FB2/4	Biological Father Miki Izanami busca a dos hijos, Saki y Abe Izanami	no	no	Miki Izanami	Masculino

Figura 3. Ejemplo de hoja Excel remitida a las instituciones con datos ante mortem (elaboración propia).

c) Confección de datos post mortem de cadáveres o restos humanos.

De igual forma, se diseña una hoja Excel con la información *post mortem* de interés genético correspondiente a los cadáveres y restos humanos:

- Institución (responsable del cadáver),
- Specimen ID (Identificador de *CODIS*),
- Specimen Category (*Unidentified Person*),
- *Y-STR* (si está disponible el análisis del haplotipo de *CR-Y*),
- *Mito* (si está disponible el análisis de *ADNmt*),
- Sexo del cadáver o resto humano.

En el caso de restos humanos se realiza una anotación en la columna de *Specimen Category*, indicando “*Desmembrado*” para conocimiento de que el cadáver está incompleto y que puede haber sido analizado por otras instituciones. (Véase ANEXO II).

Institución	Spec ID	Specimen Category	Y-STR	MITO	Sexo
cnp	DVI-14-8-370/1255	Unidentified Person	no	no	Femenino
cnp	DVI-1-3-182/65	Unidentified Person	no	si	Femenino
cnp	DVI-3-3-238/200	Unidentified Person	si	si	Masculino
cnp	DVI-17-6-605/1472	Unidentified Person	no	si	Femenino
cnp	DVI-17-7p-612/1472	Unidentified Person Desmembrado	no	si	Masculino

Figura 4. Ejemplo de hoja Excel remitida a las instituciones con datos post mortem (elaboración propia).

d) Esquema del desarrollo temporal del simulacro.

Debido a la necesaria convivencia de los perfiles genéticos correspondientes a cadáveres sin identificar y familiares reales ya existentes en la BD nacional, con los perfiles a introducir con relación al simulacro, se consideró oportuno configurar un esquema temporal de trabajo y que permitiera aislar

de las búsquedas estos últimos perfiles, de forma que no se cruzaran contra los perfiles reales. Para ello, se establecieron ventanas temporales en las que llevar a cabo cada uno de los pasos necesarios, permitiendo realizar el simulacro de forma aislada.

Este esquema se desarrolla en dos periodos temporales separados, al haber convenido realizar el simulacro por duplicado e involucrando por cada periodo temporal a tres instituciones a la vez.

VENTANA I: Importar los archivos *XML* en cada Nodo *LDIS* con los perfiles *Unidentified Person* y Familiares de referencia, desmarcado los mismos para que no subieran a *SDIS*, confección de vistas y configuración de búsquedas. Resolución de problemas en las importaciones, dudas en la confección de las vistas y configuración de búsquedas.

- ✓ *DVI-I* - Primer ejercicio: 3 a 7 de octubre 2022.
- ✓ *DVI-II* - Segundo ejercicio: 24 a 28 de octubre 2022.

VENTANA II: Confección de los *PT*. Resolución de dudas.

- ✓ *DVI-I* - Primer ejercicio: 10, 11 y 13 de octubre 2022.
- ✓ *DVI-II* - Segundo ejercicio: 31 de octubre, 2 y 3 de noviembre 2022.

VENTANA III: Marcado y upload de los perfiles *Unidentified Person* y Familiares Buscadores para subir a *SDIS* (en este proceso se marcan de forma automática los *PT-DVI* confeccionados y vinculados con los Familiares Buscadores).

- ✓ *DVI-I* - Primer ejercicio: 14 de octubre 2022.
- ✓ *DVI-II* - Segundo ejercicio: 4 de noviembre de 2022.

VENTANA IV: Desarrollo de las primeras búsquedas en el nodo nacional (*SDIS*) por *PT*.

- ✓ *DVI-I* - Primer ejercicio: 15 y 16 de octubre 2022.
- ✓ *DVI-II* - Segundo ejercicio: 5 y 6 de noviembre 2022.

VENTANA V: Evaluación de compatibilidades por los nodos *LDIS* y completar la información por cada institución en las hojas Excel. Confección en su caso de nuevos *PT-DVI* para conseguir identificar todos los *Unidentified Person* que no hubieran sido encontrados, y finalización de las identificaciones en caso de que sea necesario lanzando unas segundas búsquedas en *SDIS*. Completar la información por cada institución en las hojas Excel y remitir estas a la administración nacional de la BD de ADN. Eliminación de los Specimen Id de *SDIS* y de los *PT* vinculados con el ejercicio.

- ✓ *DVI-I* - Primer ejercicio: 17 a 21 de octubre 2022.
- ✓ *DVI-II* - Segundo ejercicio: 7 al 11 de noviembre 2022.

VENTANA VI: Reunión para evaluar el ejercicio, compartir problemáticas detectadas y emitir valoraciones por los nodos locales y nacional.

- ✓ *DVI-I* - Primer ejercicio y *DVI-II* - Segundo ejercicio: Reunión *COMSIGENI* (*Comité regulador y coordinador del Sistema de Gestión Nacional de identificadores obtenidos a partir del ADN*). 22 y 23 de noviembre de 2022.

VENTANA VII: Informe evaluativo del simulacro, consideraciones a tener en cuenta en casuística real y desarrollo del “Protocolo Nacional de Identificación de Cadáveres en Grandes Catástrofes con el uso de perfiles genéticos en CODIS” para remisión a la *Comisión Técnica Nacional de Sucesos con Víctimas Múltiples*. Durante el primer trimestre del año 2023.

2.3 Evaluación y conclusión parcial

La metodología empleada en este trabajo se sustenta en un enfoque mixto, combinando análisis cualitativo y cuantitativo para garantizar una comprensión integral del objeto de estudio. El componente cualitativo, basado en la revisión exhaustiva de literatura científica y fuentes especializadas, permite construir una sólida fundamentación teórica que orienta la práctica investigativa. Este análisis se caracteriza por ser descriptivo, transversal y retrospectivo, aportando el contexto necesario para interpretar los datos y consolidar el marco conceptual que respalda el desarrollo práctico posterior.

El enfoque cuantitativo se materializó mediante la ejecución de simulacros *DVI* en el servidor real de la *Base de Datos Nacional de ADN*, integrando perfiles ficticios con los existentes para evaluar la operatividad del módulo *PT* en *CODIS*. Este procedimiento permite diseñar y distribuir perfiles genéticos, tanto de cadáveres no identificados como de familiares buscadores, aplicando técnicas de *STR's*, *Y-STR's* y *ADNmt*, y generando archivos *XML* para su importación automatizada. La configuración de árboles genealógicos, la asignación de identificadores y la elaboración de datos ante mortem y post mortem garantizan la simulación de escenarios complejos, validando la eficacia del sistema y detectando limitaciones operativas. En suma, el apartado cuantitativo aporta evidencia práctica y numérica para sustentar la viabilidad del protocolo técnico propuesto.

3 ESTADO DEL ARTE

Para comprender el contexto científico y técnico en el que se enmarca este trabajo, resulta imprescindible realizar un recorrido por el conocimiento acumulado en torno a los sistemas de identificación personal, especialmente en situaciones de grandes catástrofes, y el papel que desempeña la genética forense en estos escenarios. Este capítulo presenta una revisión del estado del arte que abarca desde los fundamentos de la identificación en emergencias hasta las tecnologías genéticas más avanzadas, incluyendo el análisis de ADN autosómico, el cromosoma Y, y el ADN Mitocondrial, así como los métodos estadísticos aplicados. También se examina la estructura y funcionamiento de la BD Forense de ADN en España, con especial atención al sistema CODIS y los tipos de datos que almacena. Esta revisión no solo permite contextualizar el objeto de estudio, sino que también proporciona las bases teóricas necesarias para valorar las implicaciones prácticas, éticas y legales del uso del ADN en la identificación forense.

3.1 Grandes Catástrofes

Partiendo del análisis de la situación actual en la sociedad mundial con relación a las grandes catástrofes, estas se han constituido como uno de los más importantes retos a los que se enfrenta el mundo moderno. La importancia de su impacto tiene implicación directa sobre la vida y salud de las personas, los bienes patrimoniales, el medio ambiente en general y el desarrollo económico en particular. [10].

Existen diversos factores que potencian la casuística vinculada con situaciones de emergencia producidas por las grandes catástrofes y que tiene en uno de sus orígenes el carácter demográfico. El aumento de población urbana en lugares de peligro antrópico o ambiental, así como la debilidad de las infraestructuras económicas y tecnológicas de prácticamente todos los países, genera una mayor facilidad para el aumento de forma exponencial de una rápida propagación de los riesgos y permiten la generación de efectos en cascada como sucedió en el terremoto ocurrido en Japón en el año 2011.

Si a todo lo anterior se añade la eliminación de los ecosistemas, lo que disminuye las defensas naturales, así como el aumento de la dimensión y periodicidad de algunos fenómenos hostiles como son las olas de calor, incendios forestales, sequías, o erosiones, como consecuencia del proceso conocido como cambio climático, se propicia la generación de un caldo de cultivo en el que la población mundial

está continuamente expuesta. En este contexto, las inundaciones, terremotos, erupciones volcánicas, ciclones, huracanes, aludes, etc., situaciones que difícilmente son evitables y de consecuencias devastadoras, se encuentran al orden del día y reflejan una problemática difícil de abordar por los diferentes estados. [10].

Por otro lado, además de las catástrofes que tienen un origen de partida natural, generadas por la aparición de energía liberada por los elementos naturales como el agua, la tierra, el aire y el fuego, se añade el creciente aumento de las catástrofes producidas por el hombre y conocidas como catástrofes técnicas, en donde se incluyen los accidentes de tráfico, aéreos y marítimos, explosiones, guerras, etc., las cuales podrían evitarse en su gran mayoría y que se clasifican en [11]:

- Catástrofes tecnológicas: incipientes durante el siglo XIX y que comenzaron su origen en la propia revolución industrial. Entre las más importantes se encuentran los incendios, las explosiones principalmente generadas en las minas de carbón y fábricas de pólvora, así como el trabajo desarrollado en los polígonos industriales que agrupan el riesgo en ciertas zonas geográficas. En este tipo de catástrofes se encuentran también incluidas las generadas por los medios de transporte ya sean estos aéreos, terrestres, marítimos o ferroviarios.

- Catástrofes sociológicas: relacionadas con las actividades vinculadas con las conductas humanas. Estas pueden tener un origen accidental en actividades en cuyo desarrollo existe gran concentración humana, como las generadas en fiestas o eventos deportivos; o provocados de manera intencional con relación a atentados o guerras de diferente índole.

Una de las características más importantes en relación con cualquier tipo de catástrofe, es la gran posibilidad de generar un elevado número de víctimas con personas heridas o fallecidas dependiendo de la etiología del suceso y, por tanto, surgir otras cuestiones de carácter sanitario, social y médico legal que debe abordar cualquier estado.

La *Ley de Enjuiciamiento Criminal* [12] en sus artículos 340 a 343 dispone la necesidad de que, en los casos de muerte violenta o sospechosa de criminalidad, sea necesaria la identificación del cadáver y la práctica de la autopsia por los médicos forenses, con la finalidad de comunicar la causa de la muerte y las circunstancias que la rodearon. Por otro lado, el Consejo de Europa en su *Recomendación nº R (99) 3*, establece la armonización de las autopsias médico-forenses de todos los países miembros [13].

En relación con lo anterior, en España se establece el *Real Decreto 32/2009, de 16 de enero, por el que se aprueba el Protocolo nacional de actuación Médico-forense y de Policía Científica en sucesos con víctimas múltiples*, que establece la ayuda técnica a prestar a los jueces y tribunales en la identificación de los cadáveres y establecimiento de los motivos y circunstancias de la muerte en este tipo de sucesos [14]. Los adelantos propiciados por la medicina forense, vinculados con las técnicas identificativas y las singularidades de la organización de la actividad científico judicial en nuestro país, necesitan de la intervención y colaboración de diferentes estamentos de distintas instancias administrativas, como son el Cuerpo Nacional de Médicos Forenses, el Instituto Nacional de Toxicología y Ciencias Forenses, la Comisaría General de Policía Científica, el Servicio de Criminalística de la Guardia Civil y las policías autonómicas donde estén constituidas. Esta importante necesidad de intervención y colaboración requería de la constitución de un Protocolo Nacional para establecer formalmente tanto las técnicas que deben utilizarse, como las diferentes labores a realizar en la casuística de sucesos con víctimas múltiples.

En este contexto, resulta por tanto necesario trabajar de forma conjunta por todas y cada una de las instituciones que, por competencia territorial o requerimiento judicial, tengan que desplegar a sus especialistas con la finalidad de identificar a las personas fallecidas en este tipo de sucesos [15].

3.2 Sistemas de Identificación Personal

La palabra identificación, proviene del latín “identificare”, que a su vez deriva de “identitas-tatis”, cualidad de idéntico, y de “facere”, hacer o establecer, por lo que consiste en determinar la identidad de alguien o de algo.

En un sentido amplio, el término identidad es el conjunto de cualidades de una cosa que hace que sea ella misma y diferente de otra, por semejante que ella sea. Si se aplica este concepto a la identificación de personas, consiste en la perfecta correspondencia entre los datos obtenidos del individuo que se quiere identificar y datos de la misma naturaleza, previamente conocidos, y que están asociados a una filiación. En definitiva, se parte de unos datos de identidad conjeturales (dubitados) y otros de identidad cierta (indubitados), a través de cuya comparación, si los mismos son suficientemente individualizadores, se puede llegar a la identificación inequívoca de una persona [16].

Desde hace bastantes años, los sistemas forenses reconocidos internacionalmente para identificar a una persona y con relación a la casuística concreta de cadáveres sin identificar son los siguientes:

- Huellas dactilares: Su carácter perenne, inmutable, diversiforme, además de contar con otras cualidades al ser infalsificables, clasificables, imprimibles y de interpretación universal, se constituyen como una de las herramientas más utilizadas en la identificación personal [17]. A partir de un cadáver fresco y que conserve los dedos de la mano, se puede obtener la necroreseña que permita identificar a cualquier persona siempre y cuando se cuente con un fichero o repositorio, en el que se almacenen las huellas indubitadas obtenidas en vida [18].

- Odontología o examen dental: Las piezas dentales debido a su resistencia a los efectos del medio, junto con la irrepetibilidad de sus alteraciones, lesiones, caries y reconstrucciones, se constituyen como elementos que, en base a su estudio, permiten la identificación de personas. Es relativamente sencillo disponer de registros dentales en vida de gran parte de los ciudadanos en las sociedades modernas [19].

- Análisis de perfiles de ADN: El carácter permanente de la información genética que acompaña a las células nucleadas de cualquier persona a lo largo de toda su vida e incluso más allá de la muerte, permite realizar su identificación mediante la comparación con perfiles genéticos de dos maneras [20]. De forma directa si la persona implicada ha estado detenida por la comisión de un delito en el que la ley permita la recogida de muestra biológica; o bien contar con una muestra atribuida en vida obtenida a partir de ítems personales (cepillos de dientes, maquinillas de afeitarse o de depilación), así como muestras custodiadas en hospitales y laboratorios (biopsias, cordones umbilicales, óvulos o esperma congelado). De forma indirecta, al poder comparar con los perfiles genéticos de ascendientes y descendientes en primer grado, debido a la herencia mendeliana simple por la que se hereda el código genético [21].

- Señales físicas: la existencia de tatuajes, cicatrices o implantes quirúrgicos que tengan un carácter único y exclusivo, permiten su utilización en la identificación de la persona que las porte [22].

De los anteriores sistemas de identificación, el análisis genético casi siempre va a permitir la obtención de un perfil con fines de cotejo, independientemente del estado en el que se encuentre el

cadáver. Si este aparece en avanzado estado de putrefacción, esqueletizado, o si ha sufrido graves daños con motivo de exposición a incendios o explosiones, la mayor parte de los sistemas quedarán descartados al no poder obtener los elementos *post mortem* de cotejo, quedando de forma residual como únicos elementos disponibles los genéticos. Además, en situaciones relacionadas con el desmembramiento de cadáveres, los estudios de ADN permitirán reasociar todos los restos humanos con una única persona, convirtiéndose en la ciencia forense estrella para dar cobertura completa en las identificaciones para este tipo de casuística [23].

3.3 Genética Forense

La Genética Forense se constituye como una herramienta fundamental en la identificación de cadáveres, especialmente en contextos donde los métodos tradicionales resultan insuficientes. Para ello, se emplean distintos sistemas genéticos, como el ADN autosómico (*STR's*), el *haplotipo del cromosoma Y* (*Y-STR's*) y el *ADN Mitocondrial* (*ADNmt*), cada uno con características y aplicaciones específicas. Estos marcadores permiten abordar casos complejos, como la identificación de restos humanos degradados o la determinación de relaciones biológicas en ausencia de referencias directas. La interpretación de los resultados requiere la aplicación de cálculos estadísticos precisos, que garantizan la fiabilidad y robustez de las conclusiones obtenidas. En este trabajo se describen las bases de cada sistema y los métodos estadísticos empleados en el proceso de identificación forense para casuística vinculada con cadáveres.

3.3.1 El ADN autosómico – *STR's*

Una de las características esenciales en la utilización del ADN para identificación forense se basa en su unicidad e irrepetibilidad. El perfil genético (genotipo) de cada persona que puebla la tierra es único, salvo para los gemelos univitelinos y cuyo origen, al partir del mismo óvulo y espermatozoide, condiciona que tengan el mismo código genético. El ADN es idéntico en todos y cada uno de los tejidos o fluidos biológicos con carga celular de una persona. Esto permite en base a la comparación de un perfil, identificar la propiedad de este y trasladarlo a la posible implicación de su propietario en un ilícito penal o determinación de relación genética familiar [24].

La información útil de toda la cadena de ADN para los laboratorios forenses, parte del análisis de los valores alfanuméricos obtenidos del análisis de regiones polimórficas de la cadena genética (ADN autosómico) derivados de regiones cortas distribuidas por diferentes zonas del genoma y que presentan una gran variabilidad entre los diferentes individuos de una población.

Estas regiones son conocidas como repeticiones cortas en tándem (*STR's*, traducido del inglés “*Short Tandem Repeats*”) y constituyen la base de análisis central para los laboratorios forenses. Estos *STR's* (conocidos también como marcadores genéticos) se componen por unidades de repetición de 2 a 6 pares de bases nitrogenadas (adenina→A, timina→T, citosina→C y guanina→G) y que se repiten en forma de tándem un número determinado de veces. Por ejemplo, una secuencia de ADN de 24 pares de bases "CAGT-CAGT-CAGT-CAGT-CAGT-CAGT" representa 6 copias (repeticiones) dispuestas en forma de tándem con el tetranucleótido "CAGT" [25].

Este número de repeticiones podrá ser diferente en función de la secuencia de ADN de cada persona, obteniendo además un resultado doble por la constitución de los gametos en la herencia mendeliana simple y que se transmite de progenitores a descendencia. Por tanto, por cada *STR's* estudiado (o

marcador genético), se obtienen dos valores (denominados alelos) que reflejan el número de repeticiones transmitida por ambos progenitores, y que permiten diferenciar el ADN de cada persona de forma unívoca [24].

El número de marcadores que es necesario estudiar en la secuencia genética debe ser lo suficientemente representativo como para poder diferenciar a una persona de otra de toda la población mundial, al igual que ocurre con el número de puntos característicos estudiados en una huella dactilar. Actualmente y de forma general, el número de marcadores estudiados en las muestras genéticas forenses de forma rutinaria se establece entre 21 y 23 marcadores.

3.3.2 El Haplotipo del Cromosoma Y (Y-STR's)

El mapa genético de ADN humano está constituido por 23 cromosomas, 22 autosómicos y el par 23 que determina el sexo, XX en las mujeres y XY en los hombres. Partiendo de esta base es sencillo descubrir que los varones son los únicos portadores del Cromosoma Y, y por tanto, su herencia es exclusivamente paterna [26].

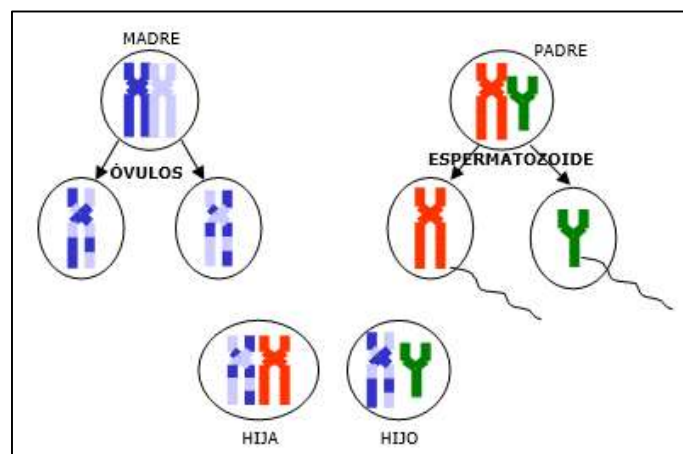


Figura 5. Esquema de herencia de gametos vinculada con el cromosoma sexual (elaboración propia).

La peculiaridad que posee la transmisión del *haplotipo de Cromosoma Y (CR-Y)* es que, al estar constituido por un único cromosoma, no existe recombinación durante la formación de los gametos (células reproductoras). En el caso del espermatozoide portador del *CR-Y*, el padre transmite su mismo haplotipo a los hijos varones sin ningún tipo de modificación [27]. Todo ello se traduce en que:

- El padre transmite el *CR-Y* a sus hijos y así sucede a lo largo de toda la línea paterna, por ello, todos los varones emparentados por línea paterna poseen el mismo *CR-Y*.

- Cuando se llevan a cabo identificaciones genéticas de cadáveres y únicamente se cuenta con muestra de referencia del presunto padre o con familiares varones emparentados a partir de segundo grado (hermanos, tíos, nietos, abuelos, primos, tíos abuelos, etc.), el estudio de *CR-Y* supone un apoyo esencial y determinante como elemento auxiliar y ampliatorio, que servirá de soporte para aumentar el valor estadístico de la identificación con el uso de *STR's* autosómicos.

Todo lo anterior, y en el contexto de las identificaciones de cadáveres o restos humanos, lleva a que esta técnica de análisis se convierta en una herramienta esencial para auxiliar en las identificaciones de cadáveres y restos humanos sin identificar, puesto que permite vincular relaciones patriliniales.

3.3.3 El ADN Mitocondrial

Las Mitocondrias se constituyen como orgánulos citoplásmicos provistos de doble membrana y que se encuentran en el interior de la mayoría de las células eucariotas. Juegan un papel clave en la generación de energía metabólica utilizada en las reacciones celulares vitales en el proceso conocido como respiración celular. Su importancia para la vida determina que la Mitocondria porte un ADN propio denominado Mitocondrial (*ADNmt*) y que, en casuística forense vinculada con la identificación de cadáveres, puede ser empleado como estudio auxiliar y ampliatorio del ADN autosómico, en los mismos términos que el haplotipo de *CR-Y*, pero con las connotaciones que se explican a continuación [28].

El *ADNmt* presenta importantes ventajas forenses frente al ADN autosómico. En primer lugar, debido al volumen de Mitocondrias existentes en cada célula; así, una cabeza espermática cuenta con aproximadamente entre 20 y 50 Mitocondrias en la región flagelar, mientras que el óvulo puede tener del orden de 5×10^5 . A lo anterior se ha de añadir, que el número de copias de ADN que una Mitocondria tiene por célula puede variar de 100 a 1000, frente a las dos copias de ADN autosómico que cada célula posee. Es por esto, que el estudio del *ADNmt* se convierte en fundamental para muestras antiguas o muy degradadas vinculadas con restos cadavéricos, en donde las posibilidades de encontrar ADN autosómico son muy bajas o prácticamente nulas [29].

El *ADNmt* presenta, no obstante, a los efectos de identificación desventajas frente al estudio de *STR's* autosómicos, puesto que se transmite únicamente por vía materna y tiene su explicación en el momento de la unión entre el espermatozoide y el óvulo [28]:

- En primer lugar, por la escasa cantidad de Mitocondrias contenidas en los espermatozoides comparadas con los miles de Mitocondrias del óvulo.
- En segundo lugar, porque la cabeza del espermatozoide es la que penetra el óvulo, quedando sus Mitocondrias fuera del mismo al estar localizadas en la unión entre cabeza y flagelo, lugar en el que se proporciona la energía para el movimiento.
- En tercer lugar, por la existencia de un mecanismo de reconocimiento que elimina las Mitocondrias paternas en el caso de que estas lleguen a atravesar la membrana del óvulo.

Todo lo anterior, obliga a tener en cuenta las siguientes connotaciones en el estudio del *ADNmt*:

- Por un lado, su poder de discriminación, pues la capacidad de diferenciar entre personas es infinitamente menor que en el ADN autosómico, ya que no permite individualizar.
- Todas las personas emparentadas por vía materna comparten la misma secuencia de *ADNmt* y por tanto no pueden ser diferenciadas con este análisis.

Estas características, sin embargo, son de gran utilidad cuando se trata de establecer relaciones familiares maternas y no se cuenta con todos los familiares idóneos ascendientes o descendientes en primer grado. Resulta especialmente relevante como estudio auxiliar y ampliatorio a los análisis de

STR's autosómicos para familiares emparentados por vía materna y relacionados a partir de segundo grado (hermano/a, tío/a, primo/a, abuelo/a, etc.).

3.3.4 Cálculos estadísticos en genética forense

La valoración de los resultados vinculados con los estudios genéticos en los laboratorios forenses de ADN se lleva a cabo mediante el uso de cálculos probabilísticos, consiguiendo, de esta forma, convertir este estudio en una de las pruebas más objetivas en las ciencias forenses. Al introducir esta probabilidad se permite medir el nivel de incertidumbre que la prueba ofrece.

La interpretación de los perfiles genéticos requiere la aplicación de cálculos estadísticos específicos para cada sistema de marcadores. En el caso del ADN autosómico, se emplean fórmulas que permiten estimar la probabilidad de coincidencia entre perfiles. Para el haplotipo de cromosoma Y, y el ADN Mitocondrial, los cálculos se basan en la frecuencia de los haplotipos en bases de datos poblacionales, dada su herencia uniparental. Estos procedimientos estadísticos son fundamentales para valorar la fuerza de la evidencia y respaldar las conclusiones en identificaciones vinculadas con cadáveres.

a) Con relación a los estudios de *STR's* autosómicos.

Para el estudio de *STR's* autosómicos, el cálculo estadístico se basa en realizar en primer lugar un cálculo de la frecuencia de cada uno de los alelos heredados para cada marcador genético, en un número N de personas de la población (para ello se realiza un estudio poblacional) y posteriormente, se expresa este resultado en *Likelihood Ratio (LR)* o *Índice de Verosimilitud (IV)*. El *LR* o *IV* es de aplicación para coincidencias de perfiles genéticos en casuística criminal, que trasladado a identificaciones genéticas cuando se cuenta con familiares de referencia, se transforma en un *Índice de Parentesco (IP)*. En este *LR*, *IV* o *IP* se plantean dos hipótesis contrarias y mutuamente excluyentes, que permiten aportar un resultado que pueda entender una persona no experta en la evaluación de resultados genéticos. Pongamos un ejemplo vinculado con la casuística en identificación de cadáveres [30].

EJEMPLO: Un varón está buscando a su hija biológica y el resultado del análisis de ADN de los vestigios biológicos (el perfil aportado por el presunto padre y el perfil obtenido del resto cadavérico) muestran una perfecta correspondencia en uno de los alelos de cada marcador analizado, y que habría heredado el cadáver con respecto al presunto padre. En este sentido, la constitución del genotipo de cada persona parte del 50 % de información genética transmitida por cada progenitor. Por tanto, al analizar los *STR's* del cadáver se obtendrán dos motivos de repetición (alelos), uno apartado por el presunto padre y el otro que correspondería a la madre y de la que no tenemos muestra biológica.

Con relación a este supuesto se formulan dos hipótesis contrarias y mutuamente excluyentes [31]:

- Hipótesis 1: El cadáver corresponde a una hija biológica de la muestra aportada por el presunto padre.

- Hipótesis 2: El cadáver no está relacionado genéticamente con la muestra aportada por el presunto padre y está relacionada con cualquier otra persona de la población española.

En ambos casos se calculan las siguientes probabilidades:

- X: Probabilidad de los perfiles genéticos evidenciados en las muestras estudiadas bajo la hipótesis 1.

- Y: Probabilidad de los perfiles genéticos evidenciados en las muestras estudiadas bajo la hipótesis 2.

Estos valores nos aportan el *IP*, *LR* o *IV*, que permite realizar el cálculo estadístico de la probabilidad de la evidencia enfrentando las dos hipótesis contrarias planteadas:

$$IP = \frac{X}{Y}$$

El cálculo estadístico vinculado con cada *STR's* vendrá condicionado por la herencia de los alelos que podamos observar entre el cadáver y el presunto padre como se refleja en la siguiente tabla:

CADÁVER	PADRE	IP = X/Y
AA	AA	1/a
AA	AB	1/2a
AB	AA	1/2a
AB	AB	a+b/4ab
AB	AC	1/4a

Tabla 1. Probabilidad herencia alélica de ascendientes y descendientes en primer grado (elaboración propia).

Posteriormente, se transforma el *IP* en *Probabilidad de Parentesco (W)*, en donde es necesario incluir un nuevo valor estadístico conocido como “*probabilidad a priori*”. Esta “*probabilidad a priori*” (P_0) supone la probabilidad previa considerada al análisis genético, de que el cadáver esté relacionado con el supuesto familiar con la que se compara, y debe ser determinada a partir de otros medios de prueba distintos al genético. Esta P_0 debe conocerla previamente el Juez en base a otras pruebas aportadas en la identificación del cadáver, y que pueden estar vinculadas con otros estudios sobre los dactiloscópicos, lugar de aparición del cadáver, posible reconocimiento de algunas características de este, etc. Normalmente, para no complicar los cálculos y la posterior explicación a la Autoridad Judicial, suele aplicarse un *a priori* de 0,5 (valor del 50 %, que determina un *a priori* ni a favor ni en contra de esa relación de parentesco).

$$W = \frac{IP}{IP + 1} \times 100$$

En caso de aplicar *a priori* diferentes, es necesario llevar a cabo el cálculo siguiente:

$$P(H1/E) = IP * P_0 / IP * P_0 + 1 - P_0$$

E incluir una tabla en la que quede constancia de los resultados para cada uno de ellos:

IP	<i>a priori</i>	W (%)
4.615 ₁ 710.758	10 %	0,999999998050138
4.615 ₁ 710.758	30 %	0,999999999494480
4.615 ₁ 710.758	50 %	0,999999999783349
4.615 ₁ 710.758	70 %	0,999999999907149
4.615 ₁ 710.758	90 %	0,999999999975928

Tabla 2. A prioris asignados y resultados estadísticos en el Índice de Parentesco (elaboración propia).

Siempre que el valor de W esté por encima de 0,999999 se puede concluir que la relación genética entre el presunto padre y el cadáver está probada genéticamente.

El mayor o menor valor del IP y W vendrá condicionado por:

- El número de familiares que aporten su muestra biológica. Si se cuenta con el perfil genético del presunto padre y madre el valor será mucho mayor, que si se cuenta con uno solo de los progenitores.
- La relación de parentesco. Si se cuenta con ascendientes o descendientes de primer grado, el valor estadístico será mucho mayor a si tenemos a ascendientes o descendientes a partir de segundo grado.
- Al número de *STR's* analizados. Cuanto mayor sea el número de *STR's* analizados mayor será el valor estadístico.

b) Con relación a estudios del haplotipo de *CR-Y* (*Y-STR's*).

Para la evaluación estadística de los *Y-STR's*, dado que la herencia es completa de padres a hijos (en haplotipo), no es viable llevarla a cabo por el producto de las frecuencias como se realiza por *STR's* autosómicos y que cumple una herencia mendeliana (50 % de herencia de ambos progenitores). Es, por tanto, necesario realizar la estimación estadística del haplotipo de *CR-Y* problema mediante su comparación con una BD poblacional, que permita evaluar la situación del haplotipo estudiado con respecto a esta [32].

La BD poblacional de referencia utilizada internacionalmente es *Y-Chromosome STR Haplotype Reference Database (YHRD)*, la cual, conviene utilizar en la evaluación de los resultados la metapoblación (población separa físicamente y que permite diferenciar la misma en base al estudio alguna particularidad) de Europa Occidental, por ser la que más se asemeja a la realidad de los perfiles que podemos encontrar en nuestro país. En función de la nacionalidad de los cadáveres y familiares buscadores, se puede variar la metapoblación de referencia [33].

Existen varios métodos estadísticos integrados en YHRD válidos para la realización de la estimación de aparición de un haplotipo de *CR-Y* [32]:

- Counting Method: Establece el número de veces que es encontrado el haplotipo de *CR-Y* problema en la metapoblación estudiada.

$$p = \frac{n}{N}$$

En donde “n” es el número de veces que aparece ese haplotipo y N es el tamaño de la BD.

- Augmented Counting Method: En el anterior cálculo es posible tener un valor de $n = 0$ si no existe ningún haplotipo de *CR-Y* almacenado en la BD de la metapoblación comparada, por lo que se añade al numerador y al denominador el haplotipo buscado para que el resultado sea distinto de 0.

$$p = \frac{n + 1}{N + 1}$$

Existen varias posibilidades de ajustar este valor de forma más adecuada utilizando intervalos de confianza y que se fijan normalmente en un 95 %. Esto permite aproximarnos al valor real, expresando la probabilidad estimada de que el cálculo estadístico obtenido se encuentre dentro de ese intervalo.

- Método Kappa: Tiene en cuenta el número de haplotipos únicos existentes en la BD y que define como k .

$$k = \frac{\alpha}{N}$$

k = proporción de haplotipos únicos en la BD.

α = Número de haplotipos únicos en la BD.

$$p = \frac{(n + 1)(1 - k)}{N + 1}$$

Los tres métodos anteriores son considerados estadísticamente hablando conservadores, pues subestiman los haplotipos no representados en la BD consultado. No obstante, se utilizan con habitualidad por su fácil integración en un informe pericial y posterior explicación a un tribunal.

- Método discreto de Laplace: Como ventaja frente a los anteriores métodos, este permite abordar una estimación de los haplotipos no representados en la BD por el insuficiente número de sujetos muestreados. Realiza un estudio de los diferentes haplotipos representados en la BD, que agrupa en clústeres poblaciones (grupo de sujetos, agrupados en función de alguna característica o variable). Estos clústeres permiten definir el porcentaje de la población que descende de cada ancestro y sus correspondientes haplotipos, considerando tasas de mutación, varianza del suceso reproductivo, tasa de crecimiento poblacional y el número de generaciones desde el ancestro.

Aunque se trata de un método científicamente más exacto, no siempre es posible su empleo debido a que no todas las metapoblaciones están representadas en su aplicación, y es necesario que los *Y-STR*'s analizados constituyan un número mínimo concreto, además de que no incluyan alelos intermedios o múltiples.

Al igual que con los cálculos de *STR*'s, es necesario desarrollar las hipótesis oportunas y llevar a cabo el cálculo de *LR* o *IV*, una vez realizada la anterior estimación estadística del haplotipo problema.

c) Con relación a los estudios de *ADNmt*.

Al igual que sucede con los *Y-STR*'s, la herencia del *ADNmt* obliga a realizar la estimación estadística mediante su comparación con una BD poblacional que permita evaluar su frecuencia de aparición.

La BD poblacional de referencia utilizada internacionalmente es *EDNAP Mitochondrial DNA population database (EMPOP)*. La BD *EMPOP* tiene como objetivo la recopilación, el control de ocalidad y la presentación con capacidad de búsqueda del *ADNmt* de todo el planeta [34].

El cálculo estadístico aplicado cuando se introduce un *ADNmt* para comparación en *EMPOP* es el *Counting Method*. Este, al igual que sucede con los *Y-STR's*, consiste en contar el número de veces que este *ADNmt* es observado en la BD poblacional estudiada y obtener su frecuencia de aparición. A este resultado se aplica una corrección para minimizar los errores de muestreo en relación a los Mitotipos (grupos o linajes genéticos) que componen la BD.

EMPOP emite tres resultados por cada *ADNmt* consultado [35]:

- Número de coincidencias encontradas en la BD total.
- Número de coincidencias por origen geográfico.
- Número de coincidencias por metapoblación.

Es recomendable utilizar el valor estadístico obtenido para la población europea, por ser la que más se asemeja a la realidad del *ADNmt* que podemos encontrar en nuestro país. En función de la nacionalidad los cadáveres y familiares buscadores, se puede variar la población de referencia.

Al igual que con los cálculos de *STR's* e *Y-STR's*, es necesario desarrollar las hipótesis oportunas y llevar a cabo el cálculo de *LR* o *IV*.

3.4 La Base de Datos Forense de ADN en España

A finales del siglo XX, el importante aumento de los estudios genéticos para la identificación de personas en contextos criminales y humanitarios obligó a los países avanzados a constituir repositorios que permitieran almacenar y cotejar estos perfiles. El poder que la técnica de ADN estaba revelando en la resolución de hechos delictivos multiplicaba su potencial identificador, pues permite almacenar los perfiles genéticos obtenidos a partir de evidencias biológicas recogidas en las *Inspecciones Oculares* o sobre víctimas y los perfiles genéticos indubitados tomados a los autores de hechos delictivos. Con la creación de estos ficheros, se incrementaban enormemente también las posibilidades identificativas de cadáveres, al poder almacenar los perfiles genéticos de familiares que buscaban a desaparecidos [36].

Es en concreto en el año 2000 cuando en España, el Cuerpo Nacional de Policía, sin la existencia aún de un marco legislativo que regulara el tratamiento y almacenamiento de perfiles genéticos, daba de alta los Ficheros *VERITAS* y *HUMANITAS* (*B.O.E. 233 de 28 de septiembre del 2000 y Orden General 1269 de 2 de octubre del 2000*). El primero de los ficheros regulaba la incorporación de perfiles de interés criminal para la identificación genética de vestigios biológicos a través de reseñas genéticas y el segundo los de interés humanitario para la identificación genética de personas desaparecidas y cadáveres sin identificar [37].

En octubre de 2004 y después de los atentados del 11-M de Madrid, desde la *Secretaría de Estado de Seguridad del Ministerio del Interior* surgen las primeras iniciativas a fin de conectar las bases de datos de ADN de la Dirección General de la Policía y de la Guardia Civil. Así en la *Orden INT/3784/2004, de 11 de noviembre, por la que se adecúan los ficheros informáticos del Ministerio del Interior que contienen datos de carácter personal de la antigua Ley Orgánica 15/1999, de protección de datos de carácter personal*, se crean dos ficheros bajo la gestión de la Secretaría de Estado de Seguridad y relacionados con el análisis del ADN; *INT-SAIP*. Todo ello con el fin de cooperar con la Administración de Justicia mediante la identificación genética de vestigios biológicos y la identificación de muestras de origen conocido, e *INT-FÉNIX*, con la finalidad de identificación genética de personas desaparecidas y cadáveres sin identificar de interés público, social y judicial [38].

Finalmente, en el año 2005 y aun no existiendo ese marco legislativo que regulara una BD nacional, tiene lugar por primera vez el intercambio automatizado entre la BD de ADN del Cuerpo Nacional de Policía y de la Guardia Civil. Habrá que esperar hasta el 8 de octubre de 2007 para ver publicada la *Ley Orgánica 10/2007, que regula la BD policial sobre identificadores obtenidos a partir del ADN*, que establece legalmente la creación de esta BD dependiente del Ministerio del Interior a través de la *Secretaría de Estado de Seguridad*. Esta ley determina qué tipo de perfiles se pueden almacenar, datos asociados, su uso y cesión, nivel de seguridad aplicable, así como lo relativo a la cancelación, rectificación y acceso. Sobre todo, hace referencia explícita a que la información almacenada debe ser relativa únicamente a la identidad de la persona y sexo [39].

Posteriormente y de forma paulatina, como consecuencia de los buenos resultados en el cruce de bases de datos de ADN, los cuerpos policiales autonómicos (Mossos d'Esquadra, Ertzaintza, Policía Foral de Navarra) y el Instituto Nacional de Toxicología y Medicina Legal se incorporan al cruce de sus respectivas bases de datos, lo que permitió aumentar considerablemente las posibilidades identificativas en los análisis, aprovechando al máximo la eficacia de los estudios del ADN [40].

3.5 CODIS (SQL) – Jerarquía BD España

Para poder gestionar todos los perfiles genéticos obtenidos en un país, y sobre todo teniendo en cuenta la situación española en donde existen diferentes laboratorios forenses con competencias analíticas en materia criminal y humanitaria, es necesario utilizar un software potente, de uso contrastado y que admita cruzar perfiles genéticos de forma sencilla, garantizando la correcta conservación y gestión de estos. Este software debe permitir que toda la información pueda centralizarse a través de un Nodo Central, actuando como punto de enlace y coordinación en la gestión de los identificadores obtenidos a partir del ADN.

Es el Cuerpo Nacional de Policía, en el momento de lanzar los Ficheros *VERITAS* y *HUMANITAS*, el que lleva a cabo un estudio de mercado para determinar el mejor software a utilizar en la gestión de perfiles genéticos forenses. En concreto fue el software *CODIS (Combined DNA Index System)* propiedad del FBI el elegido por los siguientes motivos [41]:

- En ese momento no existían muchos softwares disponibles en el mercado con uso contrastado para la gestión y búsquedas de *STR's*.

- El FBI siempre ha contado con prestigio probado por sus capacidades y desarrollo de herramientas con fines de investigación, y en donde el ADN se había posicionado como ciencia forense estrella.

- Después de algunos contactos, sólo era necesario que una "*Law Enforcement Agency*" firmara una carta de acuerdo (*Letter of Agreement - LOA*), para conseguir la cesión del software *CODIS* de forma gratuita. Esta LOA garantizaba además una asistencia continuada en el tiempo para la resolución de incidencias y acceso a las mejoras anuales desarrolladas por el FBI, aumentando el rendimiento en las búsquedas y posible implementación de nuevas utilidades.

El *software CODIS* es gestionado por un sistema *SQL* relacional, que permite almacenar y comparar los perfiles genéticos obtenidos a partir de los análisis de *STR's* autosómicos, así como los resultados de los análisis de *Y-STR's*, y polimorfismos de *ADNmt*, de gran importancia para casuística humanitaria en la identificación de cadáveres y restos humanos. Por el propio desarrollo necesario para su funcionamiento en el esquema Nacional, Estatal y Local de los Estados Unidos, *CODIS* permite una

perfecta adaptación para aquellos países que cuenten con jerarquía de laboratorios como ocurre con España. Cumpliendo ese esquema, pero con una jerarquía en dos niveles, España se estructura en:

- El nivel Nacional (*Nodo Nacional o SDIS*), servidor ubicado en la Secretaría Estado de Seguridad.
- El nivel Local (*Nodos Locales o LDIS*), servidores locales ubicados en cada laboratorio/institución participante, junto con sus *WorkStations* (estaciones de trabajo vinculadas por cada gestor de perfiles de acceso al software).

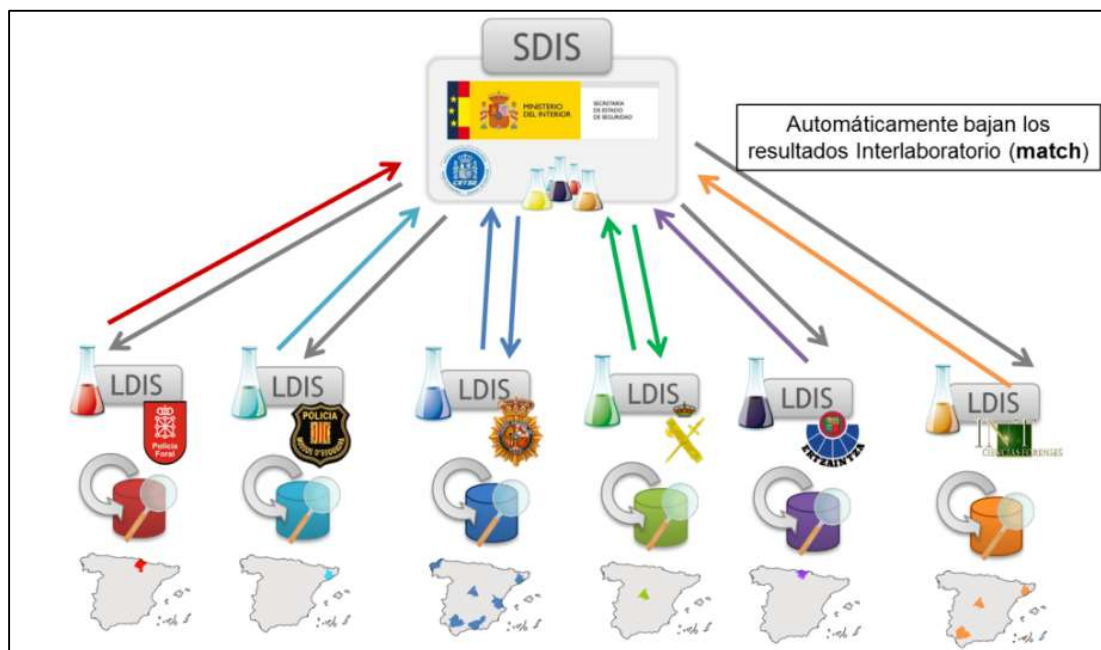


Figura 6. Jerarquía BD de ADN en España (elaboración propia).

Cada laboratorio cuenta con una identificación propia conocida como *Lab ORI*, y que permite determinar la institución propietaria de un perfil genético almacenado en la BD Nacional de ADN:

- Cuerpo de Policía Nacional (*LDIS, Lab ORI ESSP28043*).
- Guardia Civil (*LDIS, Lab ORI ESADN8003*).
- Mossos d'esquadra (*LDIS, Lab ORI MOSSOS*).
- Ertzaintza (*LDIS, Lab ORI ERTUPC*).
- Instituto Nacional de Toxicología y Ciencias Forenses (*LDIS, Lab ORI INTCZCODIS*).
- Policía Foral (*LDIS, Lab ORI ESPF31006*).

Según lo establecido en el esquema español de la BD nacional de ADN, cada institución dispone de su propia BD Local (*LDIS*) donde realiza sus búsquedas locales internas (intra-laboratorio), para seguidamente remitir al nivel nacional *SDIS* los perfiles y que sean buscados en la correspondiente búsqueda inter-laboratorio (a nivel nacional). De esa forma se realiza un barrido diario para determinar la existencia de coincidencias y compatibilidades de los perfiles genéticos almacenados en la BD nacional.

En el nivel nacional *SDIS* también se realizan los intercambios de perfiles genéticos dentro del marco del *tratado de Prüm*, y en el que España actualmente se encuentra operativa con 23 países europeos, prestando un servicio 24/7.

3.6 Datos almacenados en *CODIS*

Siguiendo lo establecido en la *Directiva (UE) 2016/680 del Parlamento Europeo y del Consejo* [42], de 27 de abril de 2016, relativa a la protección de las personas físicas en lo que respecta al tratamiento de datos personales por parte de las autoridades competentes para fines de prevención, investigación, detección o enjuiciamiento de infracciones penales o de ejecución de sanciones penales, y que se transpone a la legislación nacional en la *Ley Orgánica 7/2021* [43], de 26 de mayo, de protección de datos personales tratados para fines de prevención, detección, investigación y enjuiciamiento de infracciones penales y de ejecución de sanciones penales, la información almacenada en la base datos nacional, y por tanto en *CODIS*, se encuentra totalmente anonimizada. Esto se traduce en que no es posible vincular ningún perfil genético almacenado con los datos demográficos de sus proveedores.

Actualmente, son cuatro los registros permitidos para su almacenamiento en el *software CODIS* [44]:

a) Código alfanumérico obtenido de los *STR*'s, en donde la única información sensible de su propietario corresponde con el marcador amelogenina y que determina el sexo (XX en mujeres y XY en varones). El número de *STR*'s puede variar en función del año de análisis (normalmente se emplea un mínimo de 8 marcadores sin contar la amelogenina, hasta un máximo de 23).

	Perfil genético	
Marcador 1	6	8
Marcador 2	10	14
Marcador 3	16	16
Marcador 4	9	13
Marcador 5	8	8
Amelogenina	X	Y
Marcador 7	12	15
Marcador 8	23	23
Marcador 9	16	24

Tabla 3. Ejemplo de código alfanumérico almacenado en *CODIS* (elaboración propia).

b) El Identificador de *CODIS*, el Código único e irrepetible por el que se nombra el perfil genético en la BD. En España este Código se constituye para cadáveres sin identificar o familiares buscadores de la siguiente forma:

- Iniciales correspondiente a casuística vinculada con Interés Social (IS).
- Año de recogida del vestigio genético (24).
- Orden asignado en el laboratorio por asunto (12345).
- Número de perfil relacionado con el asunto (01). Si hubiera más perfiles vinculados con varios familiares buscadores, va aumentando el número en función de los perfiles aportados.
- Provincia en la que se aportan las muestras de los familiares o se encuentra el cadáver, utilizando el código ISO de provincias establecido en España. Por ejemplo, para Madrid el código que corresponde es M.

El resultado del Identificador de *CODIS* para un perfil con el ejemplo descrito sería el siguiente: IS-24-12345-01-M.

c) La Categoría del perfil, consiste en el apellido vinculado con cada perfil genético, que determina tanto el fichero en el que se va a buscar este perfil (*INT-Saip* con finalidad criminal o *INT-FENIX* con finalidad de interés social), como el tipo de algoritmo de búsquedas a aplicar.

Esta categoría suele venir definida en *CODIS* por defecto, o es posible crear la misma en función de las necesidades que tenga el país. Las categorías existentes en España con fines humanitarios son las siguientes:

- *Unidentified Person*: perfil genético obtenido de cualquier cadáver no identificado, siempre y cuando se tenga la absoluta certeza que se corresponde con un cuerpo completo o bien de personas vivas incapaces de identificarse por sí mismos (niños, amnésicos).

- *Unidentified Human Remains*: perfil genético obtenido de cualquier resto cadavérico humano incompleto.

- *Missing Person*: perfil genético obtenido de una muestra de referencia de una persona desaparecida de la que no se tiene duda (muestra custodiada – como una biopsia, esperma congelado, cordón umbilical, etc.). Conviene corroborar su compatibilidad con muestras indubitadas de familiares.

- *Deduced Missing Person*: perfil genético de una muestra “atribuible” a una persona desaparecida, obtenida generalmente a partir de sus efectos personales (cepillo de dientes, maquinilla de afeitar o de depilar, etc.). Conviene corroborar su compatibilidad con muestras indubitadas de familiares.

- *Biological Father* (padre): perfil genético obtenido de una muestra indubitada del padre biológico de un desaparecido/a.

- *Biological Mother* (madre): perfil genético obtenido de una muestra indubitada de la madre biológica de un desaparecido/a.

- *Biological Child* (hijo/a): perfil genético obtenido de una muestra indubitada del hijo/hija biológico/a de un desaparecido/a.

- *Biological Sibling* (hermano/a): perfil genético obtenido de una muestra indubitada del hermano/a biológico/a de un desaparecido/a.

- *Maternal Relative*: perfil genético obtenido de una muestra indubitada de un familiar materno de la persona desaparecida diferente de la madre, hijo/a o hermano/a.

- *Paternal Relative*: perfil genético obtenido de una muestra indubitada de un familiar paterno de la persona desaparecida, diferente del padre, hijo/a o hermano/a.

- *Spouse*: perfil genético obtenido de una muestra indubitada del cónyuge de la persona desaparecida (marido o mujer).

d) Lab ORI del laboratorio, para determinar la institución propietaria del perfil genético almacenado en la BD de ADN.

Esta información es la visible por todas las instituciones que trabajan en la jerarquía *CODIS* en España y que se refleja en cada *nodo LDIS* cuando se genera una coincidencia o compatibilidad entre sus perfiles genéticos y los aportados por otra institución.

3.7 Evaluación y conclusión parcial

El análisis del estado del arte evidencia la relevancia de la identificación personal en contextos de grandes catástrofes, donde la genética forense se consolida como herramienta esencial frente a la limitación de métodos tradicionales. La revisión realizada abarca los sistemas genéticos más utilizados (*STR's* autosómicos, *Y-STR's* y ADN *Mitochondrial*), destacando sus características, ventajas y limitaciones, así como la necesidad de aplicar cálculos estadísticos que aporten rigor y objetividad a las conclusiones periciales. Asimismo, se subraya la importancia de la infraestructura tecnológica y normativa en España, con especial atención al sistema *CODIS* y la jerarquía de la *Base de Datos Nacional de ADN*, que garantiza la interoperabilidad entre instituciones y la protección de datos personales. En conjunto, este marco teórico proporciona las bases científicas, técnicas y legales indispensables para el desarrollo metodológico y práctico del presente trabajo.

4 PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA: JUSTIFICACIÓN DE LA NECESIDAD DE OPTIMIZACIÓN DE LOS PROCESOS DE IDENTIFICACIÓN GENÉTICA

La identificación genética en contextos forenses y humanitarios ha experimentado avances significativos en las últimas décadas. Sin embargo, persisten desafíos operativos y técnicos que limitan su eficacia, especialmente en escenarios complejos como grandes catástrofes o en el tratamiento de perfiles genéticos en función de los familiares disponibles. Este capítulo plantea el problema central que motiva el presente trabajo: la necesidad de optimizar los procesos de búsqueda e identificación genética mediante herramientas más eficientes, protocolos adaptados y enfoques complementarios. Para ello, se analizan los algoritmos de búsqueda actualmente utilizados, las limitaciones que presentan, el potencial del módulo *PT* como recurso para reconstrucción genealógica y la importancia de contar con protocolos específicos para situaciones de emergencia masiva. Este análisis permitirá justificar la propuesta de mejora metodológica que se desarrolla en los capítulos posteriores.

4.1 Algoritmos de búsqueda

CODIS como *software* gestionado por una base de datos relacional *SQL*, permite desarrollar diferentes tipos de búsqueda, en base a los algoritmos necesarios para encontrar coincidencias o compatibilidades entre los alelos correspondientes a todos los perfiles genéticos almacenados en la BD. Dejando a un lado las búsquedas criminales que no son objeto de desarrollo en el presente trabajo, se exponen a continuación las diferentes posibilidades de búsqueda aplicadas en la BD de ADN en España para identificar a cadáveres o restos humanos sin identificar [41]:

a) Búsquedas en *HIGH*

La búsqueda en *HIGH* trata de encontrar una coincidencia perfecta de los alelos obtenidos en el análisis de *STR*'s, para identificar a un cadáver o resto humano si:

- La persona a identificar hubiera estado detenida previamente. La categoría *Unidentified Person* o *Unidentified Human Remains* se busca contra todos los perfiles genéticos correspondientes a *Suspect Known* (perfil genético obtenido de una muestra indubitada de un sospechoso, detenido, imputado o investigado).

- Se dispusiera de muestra atribuida en vida de la persona desaparecida. Las categorías habilitadas son *Missing person* y *Deduced Missing Person*.

Esta búsqueda está diseñada con un algoritmo que requiere de, al menos, 8 marcadores coincidentes (sin incluir la amelogenina) para reportar un resultado positivo. En caso de cumplir con el criterio establecido en el algoritmo de búsqueda, la BD oferta al candidato.

	<i>Unidentified Person</i> (target)		<i>Missing Person</i> (candidate)	
Marcador 1	6	8	6	8
Marcador 2	10	14	10	14
Marcador 3	16	16	16	16
Marcador 4	9	13	9	13
Marcador 5	8	8	8	8
Amelogenina	X	Y	X	Y
Marcador 7	12	15	12	15
Marcador 8	23	23	23	23
Marcador 9	16	24	16	24

Tabla 4. Ejemplo de coincidencia en *HIGH* entre *Unidentified Person* VS *Missing Person* con los alelos coincidentes en color azul (elaboración propia).

Este tipo de búsquedas no generan ningún tipo de complicación en la interpretación de los resultados, puesto que ante una coincidencia de perfiles y cuya evaluación estadística supere las recomendaciones internacionales (generalmente a partir de 10 marcadores coincidentes) la identificación genética del cadáver se daría por probada y se procedería a emitir el informe pericial a la autoridad judicial.

b) Búsquedas en *LOW*

La búsqueda en *LOW* trata de encontrar compatibilidades de al menos uno de los alelos obtenidos por el análisis de cada *STR's* para identificar a un cadáver o resto humano, si se dispone de muestra biológica correspondiente a los familiares buscadores.

Esta búsqueda está diseñada con un algoritmo que requiere al menos 9 marcadores compatibles (que coincidan en todos ellos en al menos 1 alelo) para reportar un resultado. En caso de cumplir con este criterio la BD te oferta a los familiares candidatos.

	<i>Unidentified Person</i> (target)		<i>Biological Father</i> (candidate)	
Marcador 1	6	10	6	8
Marcador 2	10	14	14	14
Marcador 3	16	16	16	18
Marcador 4	9	13	10	13
Marcador 5	8	8	8	8
Amelogenina	X	Y	X	Y
Marcador 7	12	15	14	15
Marcador 8	23	23	23	28
Marcador 9	16	24	14	16

Tabla 5. Ejemplo de coincidencia en *LOW* entre *Unidentified Person* VS *Biological Father* con los alelos coincidentes en color azul (elaboración propia).

Esta búsqueda genera importantes problemáticas en la evaluación de las compatibilidades ofertadas en la BD, y que hasta el año 2019 constituían el algoritmo básico para relacionar cadáveres sin identificar con los familiares buscadores en nuestro país.

4.2 Problemáticas de búsquedas en *LOW*

a) Problemática en las búsquedas en *LOW* con familiares en primer grado

Uno de los inconvenientes cuando se realizan búsquedas en *LOW* reside en que las posibilidades de que la BD oferte compatibilidades fortuitas (o adventicias) es muy alto. Estas compatibilidades fortuitas son el resultado de perfiles genéticos ofertados como candidatos compatibles por supuesto parentesco familiar, pero que realmente no posee una relación genética real con el perfil genético objeto de búsqueda (cadáver sin identificar – Target). El azar en la herencia de alelos, sumado a que se busca la coincidencia de uno de ellos, genera este tipo de falsos positivos, que suponen un trabajo extra y muy laborioso a los laboratorios genéticos.

Por cada compatibilidad es necesario evaluar los metadatos asociados al cadáver y familiar ofertado (fecha desaparición, lugar de aparición del cadáver, sexo, etc.) para, en base a su estudio, determinar la posible compatibilidad real o adventicia del candidato ofertado. Estas compatibilidades fortuitas son especialmente problemáticas con cadáveres antiguos que están almacenados en BD y que cuentan con un bajo volumen de *STR's* analizados. En concreto, los cadáveres o familiares buscadores remitidos vía Interpol (por diferentes países del mundo) que solicitan la introducción y/o búsqueda de perfiles en la BD de ADN española generan mucha problemática en este sentido al remitir normalmente bajo número de *STR's* analizados.

Además, las posibilidades de encontrar compatibilidades fortuitas o adventicias son directamente proporcionales al número de perfiles genéticos almacenados en BD. Cuanto mayor número de perfiles entran en juego en las búsquedas en *LOW*, mayores posibilidades estadísticas de encontrar este tipo de compatibilidades. La BD de ADN española, desde el año 2018, es considerada por el FBI como una BD grande (con un total de perfiles genéticos superior al medio millón), lo que supone una mayor incidencia en este tipo de resultados problemáticos.

Por otro lado, en las búsquedas por *STR's* en *LOW*, la BD no permite utilizar técnicas de análisis alternativas esenciales para auxiliar y aportar información que permita descartar las compatibilidades adventicias generadas por interés social y correspondientes a los análisis de los *Y-STR's* y *ADNmt*. Si un candidato correspondiente a un padre biológico coincide al azar en uno de los alelos compartidos con el de un cadáver para varios *STR's*, pero el haplotipo de *CR-Y* no es coincidente, se podría descartar esta compatibilidad de forma automática; al igual que si una madre biológica no tiene coincidencia con el *ADNmt* del cadáver ofertado del presunto hijo/a.

Por último, otra problemática que aumenta las posibilidades de generar compatibilidades fortuitas en *LOW* es que la BD no discrimina si tenemos a varios familiares buscadores correspondientes al mismo núcleo familiar. Si se cuenta con el perfil genético del padre y madre biológicos buscando al mismo cadáver, la BD trata ambos perfiles como si la búsqueda fuera individual para cada uno de ellos, y no discrimina entre sí uno de ellos no es compatible con un cadáver y sí lo es el otro; ofertando esa compatibilidad fortuita, aunque uno de los progenitores haya sido descartado.

b) Problemática en las búsquedas en *LOW* con familiares a partir de segundo grado

En el caso de búsquedas correspondientes a familiares a partir de segundo grado (hermano/a, primo/a, tío/a, abuelo/a, etc.) la problemática si cabe aumenta de forma exponencial; no solo por la generación de compatibilidades adventicias, sino porque la probabilidad de encontrar a familiares compatibles en *LOW* a partir de segundo grado resulta estadísticamente muy baja o prácticamente nula en algunos casos.

Los estudios estadísticos en la *herencia mendeliana simple* muestran que entre hermanos (al heredar un 50 % de la información genética de ambos progenitores) existe un 25 % de probabilidad de compartir dos alelos comunes similares al de sus ascendientes, un 25 % de no compartir ninguno y un 50 % de compartir uno de ellos. En términos prácticos, cuando se realizan búsquedas en *LOW* y se busca a un hermano/a, las posibilidades de encontrar a un hermano compatible por *STR's* son extremadamente bajas [45].

Con mayor motivo, y teniendo en cuenta que para cualquier otra búsqueda a partir de segundo grado entran en juego nieto/a, abuelo/a, tío/a, sobrino/a, primo/a, etc., la probabilidad de compartir alelos comunes entre estos familiares no es mayor a la que puede existir con cualquier otro perfil genético al azar almacenado en la BD. Esto ha supuesto durante muchos años y en aquellas situaciones en las que únicamente se disponía de perfil genético de familiar de desaparecido a partir de segundo grado, que no se encontraban compatibilidades aun cuando el cadáver hubiera estado almacenado en la BD, asumiendo la existencia de falsos negativos en este tipo de búsquedas y, por tanto, limitaciones importantes para este tipo de casuística.

La imposibilidad de utilizar estudios genéticos alternativos en las búsquedas en *LOW* del haplotipo de *CR-Y*, y *ADNmt*, agravaban las mínimas posibilidades de identificar a cadáveres cuyo perfil estaba almacenado en la BD genética y se contaba con familiares almacenados a partir de segundo grado.

4.3 Módulo *Pedigree Tree* y técnicas genéticas alternativas

CODIS, como software dinámico y en continua evolución, implementó a partir de la versión 7 (actualmente trabajando con la 11) la posibilidad de poder desarrollar búsquedas en las que no solo se pudieran integrar en el mismo árbol genealógico a todos los familiares que aportaban su muestra genética, sino que, además, permitía incluir en esas búsquedas además de los *STR's* autosómicos, los *Y-STR's* y el *ADNmt*.

Este nuevo Módulo en *CODIS* recibe el nombre de *PT* en base al sistema de integración de familiares para el desarrollo de búsquedas. Desde la administración nacional de la BD y Policía Nacional, a partir del año 2018, se comenzó a trabajar en su desarrollo y aplicación operativa, para que finalmente en el año 2019 fuera implementado en la BD Nacional de ADN, con la finalidad de desarrollar las búsquedas vinculadas con interés social en la identificación de personas desaparecidas y cadáveres sin identificar.

Una de las grandes diferencias que presenta este Módulo *PT* frente a la búsqueda en *LOW* reside en que el algoritmo de búsqueda no se basa en encontrar un alelo coincidente entre los diferentes *STR's* disponibles, sino que lo aborda en base a los resultados de la evaluación estadística de las compatibilidades encontradas entre los cadáveres y familiares de referencia. Sólo es necesario establecer un umbral estadístico a partir del cual, se considera conveniente que la BD oferte candidatos. Por debajo de ese umbral, y aunque existan compatibilidades de algunos alelos, si el valor estadístico no alcanza

ese mínimo, la BD excluye los perfiles compatibles que por azar hayan podido coincidir y, por tanto, elimina gran parte de las compatibilidades fortuitas generadas.

Además, no solo calcula el valor estadístico para *STR's* autosómicos, sino que también incluye en el resultado el valor estadístico aportado por los *Y-STR's* y el *ADNmt*, en el caso de que estas técnicas estuvieran disponibles y hayan sido coincidentes. En relación a este cálculo estadístico, y que es de vital importancia para búsquedas de familiares a partir de segundo grado, si el umbral correspondiente a *STR's* autosómicos no es alcanzado (situación normal por las connotaciones de herencia genética comentadas anteriormente), se puede configurar el sistema para que sean evaluados los resultados correspondientes a los *Y-STR's*, y *ADNmt*, revelando las compatibilidades reales de familiares emparentados a partir de segundo grado y que comparten ese material genético alternativo al ADN autosómico.

En relación con lo anterior, el Módulo *PT* está desarrollado en base dos casuísticas concretas ya comentadas en el apartado anterior, que permiten solventar las problemáticas que se venían arrastrando en la búsqueda de cadáveres en la BD Nacional [41]:

a) Category *PT Missing Person (MP)*:

Se incluyen en este modo de búsqueda el familiar de persona desaparecida, siempre que esté emparentada en primer grado (ascendiente o descendiente), o los familiares (2 o más) siempre que al menos uno de ellos esté emparentado en primer grado. Se evalúan en conjunto los resultados de *STR's* autosómico, los *Y-STR's* y *ADNmt*; estos últimos siempre que el *STR's* autosómico no sea descartado (si un familiar en primer grado es descartado por *STR's*, no tiene sentido evaluar *CR-Y* o *ADNmt*).

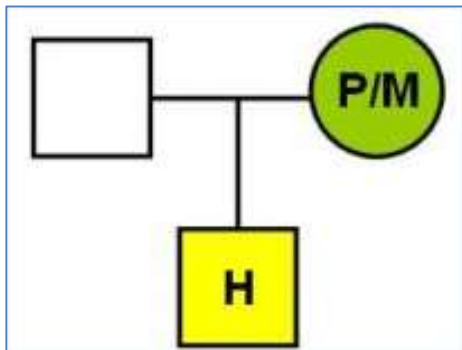


Figura 8. Padre o madre que buscan a hijo (elaboración propia).

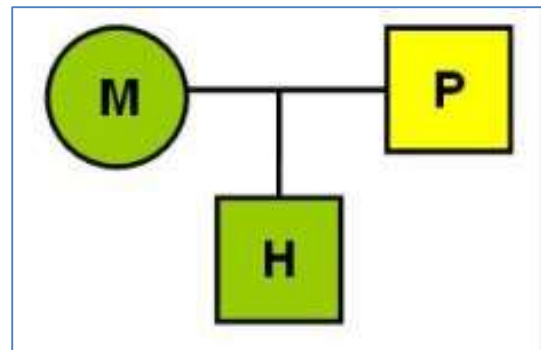


Figura 7. Madre e hijo que buscan a esposo y padre respectivamente (elaboración propia).

b) Category *PT Single Typed Node (STN)*:

Se incluye en este modo de búsqueda el familiar de persona desaparecida o los familiares (2 o más), siempre que estén emparentados en segundo o mayor grado. Se evalúan en conjunto los resultados de *STR's* autosómico, así como los *Y-STR's* y *ADNmt* en todos los casos; estos últimos especialmente, cuando el *STR's* autosómico sea descartado (lo normal a partir de segundo grado es que por *STR's* autosómicos no sean compatibles, y si lo puedan ser al evaluar *CR-Y* o *ADNmt*).

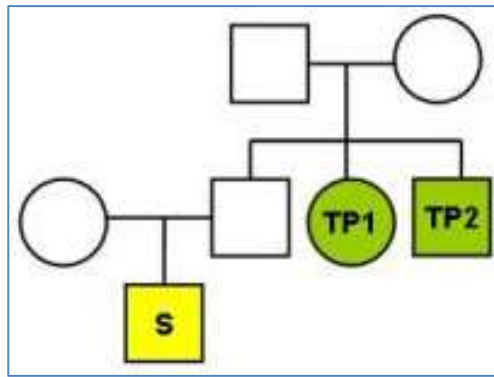


Figura 9. Dos tíos que buscan a sobrino (elaboración propia).

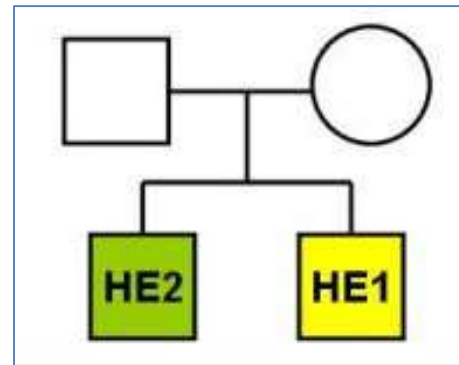


Figura 10. Hermano que busca a hermano (elaboración propia).

El software *CODIS* lleva a cabo los cálculos estadísticos de forma individual para cada técnica de análisis (*STR's*, *Y-STR's* y *ADNmt*), así como el conjunto de todos ellos, de la siguiente forma FBI [4]:

i) Joint Pedigree Likelihood Ratio (JPLR): Realiza el cálculo estadístico de los *STR's* autosómicos utilizando la frecuencia poblacional española introducida en *CODIS* para su estimación. Aplica las hipótesis correspondientes y el cálculo del *LR* bajo los siguientes parámetros.

- Hipótesis 1: El *Unidentified Person* está relacionado con los familiares que componen el *PT*.
- Hipótesis 2: El *Unidentified Person* no se encuentra relacionado con los familiares que componen el *PT*.
- *LR* = Es la probabilidad de los perfiles genéticos evidenciados en las muestras estudiadas bajo la hipótesis 1/ Probabilidad de los perfiles genéticos evidenciados en las muestras estudiadas bajo la hipótesis 2.

CODIS ofertará a modo de ranking (numerados de mayor a menor resultado) todos los *PT* que superen un umbral estadístico establecido.

ii) Haplotipo de CR-Y LR: Realiza el cálculo estadístico de los *Y-STR's* mediante la técnica del *Counting Method*, y que determina número de haplotipos coincidentes con el Haplotipo estudiado, mediante su comparación con de una base poblacional que integra *Y-STR's* de varones africanos, americanos, caucásicos, asiáticos e hispanos (recopilados por el FBI). Para el cálculo del *LR* aplica la siguiente fórmula, la cual integra un intervalo de confianza del 95 %.

$$LR = S / (C + 1.92 + 1.96 * (C + 1))$$

S = El número total de *Y-STR's* de la BD poblacional comparada.

C = El número de coincidencias generadas con el *Y-STR's* objeto de estudio.

Al igual que ocurre con el *JPLR*, el software oferta un ranking de todos los *PT* que superen el umbral establecido para esta técnica de análisis.

iii) ADNmt LR: El cálculo estadístico para el *ADNmt* se lleva a cabo de la misma forma que el *Y-STR's* (*Counting Method*) pero utilizando una BD poblacional obtenida a partir de *EMPOP* [28]. Esta incluye los *ADNmt* de población africana, americana, caucásica e hispana. La fórmula de *LR* utilizada

para este cálculo es la misma que para *Y-STR*'s y que integra un intervalo de confianza del 95 %. El software emite un ranking de todos los *PT* que superen el umbral establecido para esta técnica de análisis.

iv) *Combined Pedigree Likelihoodratio (CPLR)*: Este cálculo se obtiene del producto de los valores obtenidos para el *JPLR*, *Y-STR*'s *LR* y *ADNmt LR*, cuando alguno/s de ellos hayan reportado resultados. El que todas las técnicas estén disponibles, permitirá aumentar las posibilidades de identificación.

$$CPLR = JPLR * ADNmt LR * Y-STR LR$$

Por ejemplo, si el *PT* ofertado con relación a un *Unidentified Person* ofrece los siguientes resultados; *JPLR* es 1×10^5 , *mtDNA LR* = 1×10^2 e *Y-STR LR* = 1×10^3 ; entonces, $CPLR = 1 \times 10^{10}$.

Para la Categoría *PT MP* actualmente en *SDIS* existe un umbral mínimo de 1000 para reportar resultado, y el *CPLR* siempre requiere haber obtenido un resultado positivo para *JPLR* (*STR*'s autosómicos), dado que buscamos a personas emparentadas en primer grado. Para la Categoría *PT STN*, el umbral mínimo fijado es de 500 y el *CPLR* no requiere un resultado positivo para el *JPLR* (*STR*'s autosómicos), ello es debido a que se buscan familiares emparentados a partir de segundo grado.

La principal diferencia, por tanto, entre la Categoría *PT MP* y *PT STN*, que ha permitido solventar gran parte de las problemáticas vinculadas con búsquedas de cadáveres, es que para la primera de ellas (*PT MP*) utiliza como filtro excluyente los *STR*'s autosómicos. Si se cuenta con al menos un familiar emparentado en primer grado, es imperativo que este y el cadáver almacenado en la BD sean compatibles con un valor estadístico elevado por *STR*'s y se oferte al candidato. En caso contrario, se descarta el estudio de las técnicas de *Y-STR*'s y *ADNmt* si estas estuvieran disponibles. Para la segunda Categoría (*STN*), dado que el *PT* cuenta únicamente con familiares a partir de segundo grado, no pasar el umbral estadístico para *STR*'s autosómicos no es excluyente de ofertar la compatibilidad, y evalúa las técnicas auxiliares siempre que se encuentren disponibles, y hayan sido coincidentes.

Con esta implementación se consiguen reducir, de forma drástica, las compatibilidades adventicias (Categoría *PT MP*) y no se pierden a cadáveres relacionados a partir de segundo grado si las técnicas de *Y-STR*'s y *ADNmt* están disponibles (Categoría *PT STN*).

4.4 Protocolo de trabajo en grandes catástrofes

En el año 2019 se comienza a trabajar en España con el nuevo Módulo *PT* en *CODIS*, por iniciativa del Laboratorio de ADN de Policía Nacional y la administración nacional de la BD de ADN, conscientes de las problemáticas arrastradas desde hace años en la identificación genética de cadáveres con el motor de búsqueda *LOW*. Esto supuso un importante esfuerzo al ser necesario configurar los árboles genealógicos de los familiares que ya se encontraban almacenados en la BD Nacional de ADN, y permitir aplicar este nuevo método de trabajo en la identificación de cadáveres desde el punto de vista genético. De forma paulatina, y durante los dos siguientes años (2020 y 2021) casi todas las instituciones operativas en *CODIS* habían configurado sus árboles genealógicos, permitiendo desarrollar las búsquedas bajo los nuevos parámetros, y dejando de forma residual las búsquedas en *LOW*. La nueva aplicación de los motores de búsqueda permitió aumentar la eficacia en los resultados obtenidos y la eficiencia de las búsquedas en BD.

Después de numerosas pruebas y valoraciones por parte de la administración nacional de la BD y las instituciones usuarias, se establecieron los umbrales a aplicar en los algoritmos de búsqueda con *PT* y que hoy en día se siguen evaluando por si el algún momento resulta necesaria su modificación. El incremento diario en el número de perfiles, y el mayor aporte de los *STR's* analizados, obligan a tener que valorar de forma continuada los parámetros de búsqueda y umbrales estadísticos, para aplicar las modificaciones oportunas que permitan optimizar el trabajo diario desarrollado en la BD Nacional de ADN.

A pesar de los esfuerzos realizados por todas las instituciones, debido a la diferente casuística que aplica a cada una de ellas, el volumen inabordable de muestras biológicas a analizar, y el trabajo incesante en los laboratorios genéticos, algunas instituciones no habían comenzado a trabajar con este nuevo Módulo *PT* a nivel de su *LDIS* para el desarrollo de búsquedas de interés social. Esto suponía en la jerarquía de la BD Nacional, que algunas instituciones desconocían el funcionamiento del Módulo *PT* y carecían de la capacidad necesaria para abordar una identificación de cadáveres utilizando esta nueva herramienta de *CODIS*.

Por otro lado, en relación con una gran catástrofe a la que se tuviera que hacer frente desde el punto de vista genético y con la finalidad de identificar los cadáveres vinculados utilizando este nuevo Módulo *PT*, no se había desarrollado un protocolo técnico de trabajo en la BD Nacional que permitiera abordar por varias instituciones a la vez, y de forma coordinada, el procedimiento oportuno para llevarlo a efecto con todas las garantías. Teniendo en cuenta que los perfiles genéticos obtenidos de los cadáveres asociados a una gran catástrofe y de los familiares de referencia conviven en la BD con los perfiles previamente almacenados de cadáveres encontrados en la rutina diaria de identificaciones genéticas y de sus familiares buscadores, era necesario establecer un protocolo técnico que evitara el cruce de todos estos perfiles en las búsquedas desarrolladas con el Módulo *PT*.

Por los anteriores motivos, y durante el año 2022, desde la administración nacional de la BD de ADN se decidió desarrollar un simulacro completo de grandes catástrofes que permitiera abordar una casuística compleja que implicara a todas las instituciones, utilizando el nuevo Módulo *PT* implementado. Esto facilitaría la toma de contacto con la nueva herramienta a los usuarios con reducido conocimiento y manejo, además de permitir establecer un protocolo técnico de trabajo en este tipo de sucesos, para garantizar una respuesta eficiente y eficaz de todos los organismos públicos encargados de dar respuesta a la identificación de cadáveres y restos humanos desde el punto de vista genético, con la necesaria coordinación desde la BD Nacional de ADN.

4.5 Evaluación y conclusión parcial

El análisis realizado pone de manifiesto la necesidad urgente que existía de optimizar los procesos de identificación genética en contextos forenses y humanitarios, especialmente ante grandes catástrofes. Las limitaciones del algoritmo tradicional de búsqueda en *LOW*, además de la generación de compatibilidades fortuitas y la baja eficacia con familiares de segundo grado, evidencian la insuficiencia de los métodos previos aplicados. La implementación del módulo *PT* en *CODIS* representa un avance sustancial, al integrar cálculos estadísticos robustos y técnicas complementarias (*STR's*, *Y-STR's* y *ADNmt*), reduciendo falsos positivos y ampliando las posibilidades de identificación. Sin embargo, persiste la necesidad de protocolos técnicos específicos que garanticen la coordinación interinstitucional y la operatividad en escenarios de emergencia masiva. Este contexto justifica plenamente la propuesta metodológica desarrollada en este trabajo.

5 ANÁLISIS DE SIMULACROS NACIONALES REALIZADOS: PRINCIPALES RESULTADOS Y LECCIONES APRENDIDAS

El proceso de identificación de cadáveres y restos humanos en escenarios de desastre masivo requiere una metodología rigurosa y estandarizada que garantice la fiabilidad de los resultados. Para ello, las instituciones participantes en el ejercicio *DVI (Disaster Victim Identification)* debían completar hojas de cálculo con información biográfica ante mortem y datos post mortem, incorporando indicadores estadísticos derivados del análisis genético. Estas hojas incluían columnas concretas como identificadores *CODIS*, valores de verosimilitud (*LR*) para STR autosómicos, ADN Mitocondrial y haplotipos del cromosoma Y, así como disposiciones finales sobre la posible identificación. La coincidencia entre las decisiones de las instituciones propietarias de los perfiles ante mortem y post mortem era esencial para validar la identificación.

Este procedimiento no solo permitió evaluar la precisión de las configuraciones de *PT* y los cálculos estadísticos realizados, sino también detectar errores y áreas de mejora. Los resultados obtenidos, junto con el análisis de las dificultades encontradas, constituyen una base fundamental para garantizar una respuesta eficaz en situaciones reales y sentar las bases para la redacción del correspondiente al “*Protocolo nacional de identificación de cadáveres en grandes catástrofes*” como guía y referencia nacional.

5.1 Resultados del simulacro

Para poder evaluar los resultados emitidos por cada una de las instituciones en la hoja Excel entregada con la confección de datos biográficos ante mortem de familiares, se incluían una serie de columnas que era necesario completar y que contenían la siguiente información:

- Candidate UP: Identificador de *CODIS* de los cadáveres ofertados en la búsqueda y que han pasado el umbral estadístico.
- *JPLR*: Resultado estadístico de los STR's autosómicos.
- mtDNA *LR*: Resultado estadístico de *ADNmt*.
- *Y-STR LR*: Resultado estadístico del Haplotipo de *CR-Y*.

- Combined *LR*: Resultado estadístico del producto de los tres valores correspondientes a *JPLR*, *DNAmt LR* e *Y-STR LR*.

- Disposition *PT*: Decisión de la institución encargada de confeccionar el *PT* en cuanto a la posible identificación del cadáver ofertado. En este campo se anota si el cadáver se da por identificado “ID Confirmed”, si faltan datos para ello o no se da por segura la identificación “ID Pending” o si no se concluye que no existe relación de parentesco y se trata de una compatibilidad adventicia “No match”.

- Disposition *UP*: Decisión de la institución propietaria del perfil correspondiente al cadáver sin identificar en cuanto a la posible identificación con los familiares que integran el *PT*. Al igual que el anterior, en este campo se anota si el cadáver se da por identificado “ID Confirmed”, si faltan datos para ello o no se da por segura la identificación “ID Pending” o si no se concluye que no existe relación de parentesco y se trata de una compatibilidad adventicia “No match”.

Es pertinente que en los dos últimos campos exista coincidencia de la decisión de la disposition entre la institución propietaria del cadáver y la propietaria del *PT* con la integración de los familiares buscadores, para dar por válida la identificación en el ejercicio.

Institución	Spec ID	Candidates UP	JPLR	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR	Disposition PT	Disposition UP
cnp	DVI-10-MB2/3							

Figura 11. Ejemplo de hoja Excel remitida a las instituciones para completar los resultados vinculados con los familiares buscadores (elaboración propia).

De igual forma, en la hoja Excel entregada con la confección de datos post mortem de cadáveres o restos humanos, se incluían las mismas columnas que las indicadas anteriormente y cuyos resultados debían ser completados por las instituciones propietarias de los cadáveres. La coincidencia de los datos aportados por las instituciones en ambos ficheros daba por válida la identificación del cadáver en el ejercicio.

En cuanto a los resultados obtenidos en la identificación de los perfiles correspondientes a los cadáveres y restos humanos, estos fueron los datos finales una vez completadas las anteriores hojas Excel y evaluadas por la administración nacional de la BD de ADN:

- *DVI-I* - Cadáveres identificados correctamente: 61 de 71 (aunque uno de los cadáveres era imposible ser identificado utilizando la herramienta *CODIS*)

- *DVI-II* - Cadáveres identificados correctamente: 67 de 71 (aunque uno de los cadáveres era imposible ser identificado utilizando la herramienta *CODIS*)

Durante la reunión correspondiente a COMSIGENI del año 2022, se debate con todas las instituciones los errores detectados durante el desarrollo de los ejercicios, y los motivos por los cuales no se consiguieron identificar a todos los cadáveres involucrados.

5.2 Resultados esperados en la confección de *Pedigree Tree* y Valores Estadísticos

Finalmente se confecciona un documento (Véase ANEXO III) con todos los árboles genealógicos y *PT* que era necesario desarrollar, con explicaciones del modo adecuado de configuración en cada casuística familiar que permitiera identificar a los cadáveres vinculados, junto con los resultados

estadísticos esperados. Con este documento las instituciones pudieron evaluar y comparar sus resultados, detectando los errores cometidos y que sirvieran de aprendizaje en futuros desarrollos de *PT* para casuística real.

Estos *PT* se clasifican por colores, de forma que se vinculen con el grado de complicación y dificultad en su confección, así como posibilidades de identificación de los cadáveres.

El código de colores tiene la siguiente leyenda:

- **VERDE**: *PT* de sencilla configuración y con altas probabilidades de identificar el cadáver por la relación de parentesco con los familiares aportados. Normalmente vinculado con la existencia de al menos un familiar emparentado en primer grado.
- **AMARILLO**: *PT* de moderada dificultad de configuración y con altas probabilidades de identificar a los cadáveres relacionados. Normalmente vinculado con la existencia de familiares emparentados a partir de segundo grado y con la portación de estudios alternativos a *STR's* (*Y-STR's* y/o *ADNmt*).
- **ROJO**: *PT* de mayor dificultad de configuración y con bajas probabilidades de identificar los cadáveres vinculados. Normalmente relacionados con la existencia de familiares a partir de tercer grado y en donde es necesario realizar varias configuraciones de *PT* a partir de los diferentes familiares involucrados en el árbol genealógico. También se incluyen trampas a propósito al modificar algunos alelos correspondientes a los cadáveres, por considerar las muestras de origen de baja calidad. Además, estos *PT* se vinculan con algunas circunstancias inesperadas, en las que no siempre los familiares de referencia son conocedores de la inexistencia de relación de parentesco real, por infidelidades que terminan con embarazados fuera del matrimonio o de las parejas oficiales.

Todos los *PT* del simulacro están incluidos en el ANEXO III, pero se desarrollan varios ejemplos en cada casuística (color del *PT* en función de la dificultad), para entender el alcance de la configuración más adecuada y que permita concluir con la identificación del cadáver o cadáveres relacionados familiarmente:

Ejemplo 1: Hannah Badger (separada) busca a su hija Anna Abbot (DVI-10-MB2/3 vs DVI-9-7-416/750)

Configurar un *MP* con la búsqueda de una madre a su hija.

STR			mtDNA	Y-STR
Locus	Target	Candidate		
	DVI-I-10-MB2/3 ESSP28043 Biological Mother	ERTUPC DVI-I-9-7-416/750 Unidentified Person 3.16E+04		
► D8S1179	10, 13	13, 14		
D21S11	31, 32.2	29, 32.2		
D7S820	11, 12	11		
CSF1PO	10	8, 10		
D3S1358	16, 18	17, 18		
TH01	7	7, 9		
D13S317	10, 13	10, 13		
D16S539	9, 12	9, 11		
vWA	15, 16	15, 19		
TPOX	8, 11	8, 11		
D18S51	14, 19	14, 18		
Amelogenin	X	X		
D5S818	10, 12	7, 12		
FGA	19, 20	19		

JPLR	▼	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
3.16E+004		ERTUPC	DVI-I-9-7-416/750	Unidentified...	CADAVERE...	1.87E+003		5.89E+007

Figura 12. Compatibilidades ofertadas por la BD en las búsquedas PT y resultados estadísticos (elaboración propia).

Ejemplo 2: Matthew Lynde busca a sus padres Gilbert y Anne Lynde, y hermano Westley Lynde (DVI-11-8-350/932 vs DVI-11-4-355/958 and DVI-11-6-360/970 and DVI-11-9-330/933)

La intención inicial es la de configurar un *MP* con la búsqueda de los tres familiares cadáveres en el mismo *PT*, pero ese planteamiento impide que la BD oferte al hermano biológico.

Por tanto, cuando tenemos a un familiar que está buscando a varias personas emparentadas en diferente grado, es necesario configurar dos *PT*. Uno para *MP* (que permitirá localizar a ambos progenitores - primer grado) y otro en *STN* para localizar al hermano (segundo grado).

A) Búsqueda *MP*

STR	mtDNA	Y-STR		
Locus	Δ	Target DVI-I-11-8-350/932 ESSP28043 Biological Child	Candidate ERTUPC DVI-I-11-4-355/958 Unidentified Person 1.83E+12	Candidate MOSSOS DVI-I-11-6-360/970 Unidentified Person 1.99E+04
D8S1179		10, 13	10, 14	13
D21S11		24.2, 30	24.2, 32	30, 31.2
D7S820		8, 10	7, 10	8, 10
CSF1PO		13, 14	10, 14	11, 13
D3S1358		16, 19	15, 19	16
TH01		7, 9.3	8, 9.3	7
D13S317		8, 9, 10	8, 14	9
D16S539		11, 14	9, 14	11
vWA		17, 20	20, 21	17, 19
TPOX		7, 12	7, 13	9, 12
D18S51		10.2, 17	10.2, 23	17, 18
Amelogenin		X, Y	X, Y	X
D5S818		9, 13	9, 15	12, 13
► FGA		25, 26.2	26.2, 29	20, 25

B) Búsqueda *STN*

STR	mtDNA	Y-STR			
Locus	Δ	Target DVI-I-11-8-350/932 ESSP28043 Biological Child	Candidate MOSSOS DVI-I-11-6-360/970 Unidentified Person 2.87E+02	Candidate MOSSOS DVI-I-11-9-330/933 Unidentified Person 4.49E+08	Candidate ERTUPC DVI-I-11-4-355/958 Unidentified Person 2.42E+09
D8S1179		10, 13	13	13, 14	10, 14
D21S11		24.2, 30	30, 31.2	24.2, 30	24.2, 32
D7S820		8, 10	8, 10	8, 10	7, 10
CSF1PO		13, 14	11, 13	10, 11	10, 14
D3S1358		16, 19	16	15, 16	15, 19
TH01		7, 9.3	7	7, 8	8, 9.3
D13S317		8, 9, 10	9	9, 14	8, 14
D16S539		11, 14	11	11, 14	9, 14
vWA		17, 20	17, 19	19, 20	20, 21
TPOX		7, 12	9, 12	7, 9	7, 13
D18S51		10.2, 17	17, 18	10.2, 17	10.2, 23
Amelogenin		X, Y	X	X, Y	X, Y
D5S818		9, 13	12, 13	9, 13	9, 15
► FGA		25, 26.2	20, 25	20, 29	26.2, 29

JPLR	▼	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
1.83E+012		ERTUPC	DVI-I-11-4-355/958	Unidentified...	CADAVERE...			1.83E+012
1.99E+004		MOSSOS	DVI-I-11-6-360/970	Unidentified...	CADAVERE...	1.20E+003		2.39E+007

JPLR	▼	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
2.42E+009		ERTUPC	DVI-I-11-4-355/958	Unidentified...	CADAVERE...			2.42E+009
4.49E+008		MOSSOS	DVI-I-11-9-330/933	Unidentified...	CADAVERE...	1.20E+003		5.40E+011
2.87E+002		MOSSOS	DVI-I-11-6-360/970	Unidentified...	CADAVERE...	1.20E+003		3.45E+005

Figura 13. Compatibilidades ofertadas por la BD en las búsquedas PT y resultados estadísticos (elaboración propia).

Otra opción viable es la de configurar directamente un único *PT* por *STN*, pues la BD oferta todos los familiares vinculados (y alguno más compatible de forma fortuita). Pero siguiendo lo establecido en el manual de trabajo de COMSIGENI, es oportuno configurar ambos *PT* con las búsquedas diferenciadas. Esto permitirá mayor seguridad en las identificaciones, al obtener unos valores estadísticos más altos.

Se ofertan otros 4 candidatos por *ADNmt* que se descartarían al contar con los familiares relacionados a partir de los *STR*'s autosómicos.

Candidates UHR	JPLR	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
DVI-10-4-330/890		1,20E+03		
DVI-10-5-365/870		1,20E+03		
DVI-10-7-370/875		1,20E+03		
DVI-11-10-328/902		1,20E+03		

Figura 14. Compatibilidades ofertadas por la BD en las búsquedas PY y resultados estadísticos (elaboración propia).

Ejemplo 3: Val Beatnik busca a dos sobrinos nietos (paternos), River Beatnik (varón) y Summer Beatnik (mujer) (DVI-17-GUI/2 vs DVI-2-9-190/105 and DVI-1-3-182/65)

Nos encontramos con una búsqueda en la que sólo podemos vincular al sobrino varón al contar con el Haplotipo de CR-Y.

Es necesario configurar un PT por STN para vincular a ese sobrino varón gracias al Haplotipo de CR-Y. Con el cadáver del sobrino vinculado, se debe confeccionar otro PT también por STN, con la Categoría de Perfil *Biological Sibling*, para encontrar a su hermana (ambos incorporan ADNmt).

A) Búsqueda STN

STR	mtDNA	Y-STR
Locus	Target DVI-II-17-GU1/2 INTCZCODIS Paternal Relative	Candidate ESPF31006 DVI-II-2-9-190/105 Unidentified Person 9.18E+00
D8S1179	10, 13	14, 15
D21S11	29	29, 30
D7S820	8, 11	8, 10
CSF1PO	12	10, 12
D3S1358	16, 17	15, 17
TH01	7	7, 9.3
D13S317	8, 11	8, 9
D16S539	9, 12	12, 13
vWA	17	15, 18
TPOX	8, 9	8, 9
D18S51	16, 19	15, 17
Amelogenin	X, Y	X, Y
D5S818	11, 12	11
FGA	21, 25	21, 25

B) Búsqueda STN

STR	mtDNA	Y-STR		
Locus	Δ	Target DVI-II-17-GU1/2 INTCZCODIS Paternal Relative	Target DVI-II-2-9-190/105.1 INTCZCODIS Biological Sibling	Candidate ESADN8003 DVI-II-1-3-182/65 Unidentified Person 1.42E+05
► D8S1179		10, 13	14, 15	13, 15
D21S11		29	29, 30	29, 30
D7S820		8, 11	8, 10	8, 11
CSF1PO		12	10, 12	10
D3S1358		16, 17	15, 17	15, 17
TH01		7	7, 9.3	7, 9.3
D13S317		8, 11	8, 9	9
D16S539		9, 12	12, 13	9, 13
vWA		17	15, 18	15, 18
TPOX		8, 9	8, 9	8, 9
D18S51		16, 19	15, 17	15, 18
Amelogenin		X, Y	X, Y	X
D5S818		11, 12	11	11, 12
FGA		21, 25	21, 25	21, 24

JPLR	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
9.18E+000	ESPF31006	DVI-II-2-9-190/105	Unidentified...	CADAVERE...		2.77E+003	2.55E+004

JPLR	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
1.42E+005	ESADN8003	DVI-II-1-3-182/65	Unidentified...	CADAVERE...			1.42E+005

Figura 15. Compatibilidades ofertadas por la BD en las búsquedas PT y resultados estadísticos (elaboración propia).

5.3 Evaluación y conclusión parcial

Si bien la base de datos ofrece la posibilidad de configurar un único *PT* por *STN* para abarcar todos los familiares vinculados, esta opción no garantiza el nivel óptimo de fiabilidad requerido en procesos de identificación masiva. La metodología establecida por *COMSIGENI* recomienda la configuración de varios *PT* con búsquedas diferenciadas, lo que aporta ventajas significativas:

- Mayor robustez estadística: Al separar las búsquedas, se incrementan los valores de verosimilitud (*LR*) combinados, lo que reduce la probabilidad de coincidencias adventicias y fortalece la evidencia genética.

- Control de calidad y trazabilidad: La segmentación permite validar cada relación familiar por separado, evitando errores derivados de configuraciones complejas en un único árbol.

- Optimización del descarte de falsos positivos y minimización de falsos negativos: La configuración de dos tipos concretos de *PT* en función de los familiares buscadores, permite asegurar la búsqueda más adecuada en la base de datos.

- Cumplimiento normativo y estandarización: Seguir el manual de *COMSIGENI* asegura coherencia con los protocolos internacionales de *DVI*, lo que es esencial para la interoperabilidad entre instituciones.

En definitiva, aunque la opción simplificada puede parecer eficiente, la estrategia basada en múltiples *PT* diferenciados se consolida como la más segura y precisa para garantizar identificaciones fiables en escenarios complejos, minimizando riesgos y asegurando la calidad del proceso.

6 OPTIMIZACIÓN DE LOS PROCESOS DE IDENTIFICACIÓN GENÉTICA: DISEÑO DE PROTOCOLO NACIONAL DE ACTUACIÓN EN *SVM* Y APORTACIÓN DE VALOR

En este capítulo se abordan dos componentes complementarios para optimizar la identificación genética en grandes catástrofes. Por un lado, llevando a cabo el diseño del protocolo de actuación que establece el marco operativo coordinado para aplicar el módulo *PT* con el uso del software *CODIS* a todas las instituciones usuarias, lo que garantiza la trazabilidad, interoperabilidad y cumplimiento normativo. Por el otro, se analiza la aportación de valor de la propuesta diseñada, que mejora la identificación de cadáveres mediante el uso del módulo *PT*, mapeando sus beneficios mediante el empleo del *modelo Gartner (Run, Grow, Transform, Protect)*. Esta variante resulta idónea en seguridad pública, donde se requiere continuidad operativa (*Run*), ampliación de capacidades (*Grow*), transformación metodológica basada en evidencia (*Transform*) y salvaguarda legal/tecnológica (*Protect*).

6.1 Diseño de protocolo de actuación

Con el *SVM* llevado a cabo durante el año 2022, se consigue establecer los puntos clave para desarrollar un “Protocolo nacional de identificación de cadáveres en grandes catástrofes” adaptado al contexto nacional, y que persigue una respuesta coordinada, rápida y trazable en la identificación genética con el uso del software *CODIS* y el módulo *PT*, integrando los análisis de STR autosómicos, *Y-STR* y ADN Mitocondrial, conforme al marco legal español y de la UE. El protocolo está diseñado para su aplicación práctica en catástrofes abiertas o cerradas, y contempla el proceso operativo más adecuado y adaptado a la jerarquía nacional española.

Este marco operativo permite:

- i) maximizar la eficacia de las identificaciones, consiguiendo una mayor tasa de identificación válida y menor tiempo de respuesta;
- ii) ganar en eficiencia operativa, con la disminución de los procesos a realizar y compatibilidades adventicias;

iii) y aseguramiento del cumplimiento legal y seguridad de la información, consiguiendo además un alcance que cubra a todas las instituciones en la jerarquía nacional de la BD de ADN en España.

A continuación, se detallan las fases esenciales a incluir en el “Protocolo” para su utilización operativa por todas las instituciones usuarias:

Fase 1: Activación

La activación del protocolo se realiza por la autoridad competente (judicial o forense) y se coordina a través de COMSIGENI. En esta fase se definen las ventanas operativas para evitar cruces con perfiles preexistentes y se asignan responsabilidades a los nodos SDIS y LDIS. Además, se establece una nomenclatura común para los identificadores que permita diferenciar los perfiles vinculados a la catástrofe.

- Roles identificados: Autoridad judicial, COMSIGENI, administrador SDIS, responsables de LDIS, Policía Científica.

- Procesos a realizar: Plan de activación, calendario de ventanas, definición de cabeceras en identificadores.

Fase 2: Recogida y registro (AM/PM)

Se procede a la captura de muestras ante mortem (familiares y muestras de referencia - DRS) y post mortem (cadáveres y restos humanos). Cada muestra se etiqueta con un identificador único y se registran los metadatos mínimos (institución, categoría, sexo, técnicas disponibles). Se garantiza la cadena de custodia mediante listas de control y plantillas normalizadas.

- Roles identificados: Unidades de toma de muestras, responsables de custodia, responsables de los LDIS.

- Procesos a realizar: Completar las plantillas AM/PM, listas de metadatos, checklist de custodia.

Fase 3: Procesamiento analítico

Los laboratorios forenses realizan la extracción y amplificación del ADN, obteniendo perfiles STR autosómicos y, cuando es necesario, análisis complementarios de *Y-STR* y *ADNmt*. Se aplican controles de calidad y validación antes de la importación en CODIS mediante archivos *XML*.

- Roles identificados: Laboratorios forenses, responsables de calidad, COMSIGENI.

- Procesos a realizar: Uso de kits *STR/Y-STR/ADNmt*, control de calidad, generación de ficheros *XML*.

Fase 4: Búsqueda y validación (CODIS + PT)

Se configuran los árboles genealógicos en el módulo *PT* (categorías *MP* y *STN*) y se fijan los umbrales estadísticos. Las búsquedas se ejecutan en el nodo nacional *SDIS*, generando rankings por *CPLR*. Cada compatibilidad se valida cruzando resultados genéticos con metadatos biográficos y forenses.

- Roles identificados: Administradores *LDIS/SDIS*, analistas *CODIS*, peritos.

- Procesos a realizar: Configuración *PT*, ejecución de búsquedas, verificación con *YHRD* y *EMPOP*, análisis de logs.

Fase 5: Comunicación y cierre

Se emite el dictamen pericial y se comunica a la autoridad judicial. Posteriormente, se actualizan los registros, se eliminan los perfiles temporales y se realiza una auditoría post-acción para extraer lecciones aprendidas. Finalmente, se redacta un informe evaluativo para *COMSIGENI* y la *Comisión Técnica Nacional*.

- Roles identificados: Peritos, Secretaría/archivo, seguridad TI, *COMSIGENI*.

- Procesos a realizar: Plantillas de informe, almacenamiento seguro de vestigios, auditoría y reporte.

La siguiente matriz esquematiza los pasos a seguir en el proceso de identificación de cadáveres en el contexto de *SVM* en las cinco fases definidas:

Fase	Descripción	Roles principales	Procesos
1.Activación	- Activación por autoridad competente. - Coordinación <i>COMSIGENI</i>. - Definición de ventanas operativas. - Asignación de <i>SDIS/LDIS</i> responsables.	- Autoridad judicial/forense. - <i>COMSIGENI</i>. - Admin <i>SDIS</i>. - Jefes <i>LDIS</i>. - Policía Científica.	- Plan de activación. - Calendario de ventanas. - Nomenclatura/cabecera común de identificadores (p. ej., “IVA-24..”).
2.Recogida y registro (AM/PM)	- Captura de DRS y muestras familiares. - Registro de metadatos mínimos. - Etiquetado unívoco. - Control de custodia.	- Unidades de toma de muestras. - Cadena de custodia. - Responsables <i>LDIS</i>.	- Plantillas AM/PM. - Lista de metadatos mínimos. - Checklist de custodia.
3.Procesamiento analítico	- Extracción/amplificación y obtención de perfiles STR. - Complementarios <i>Y-STR</i> y <i>ADNmt</i> según parentesco y calidad de muestra.	- Laboratorios forenses. - Responsables de calidad. - <i>COMSIGENI</i>.	- Kits <i>STR's/Y-STR/ADNmt</i>; - Control de calidad y validación.
4.Búsqueda y validación (CODIS + PT)	- Configuración <i>PT-MP/PT-STN</i>. - Fijación de umbrales. - Ejecución en <i>SDIS</i> - Ranking por <i>CPLR</i>. - Verificación cruzada con metadatos.	- Admins <i>LDIS/SDIS</i>. - Analistas <i>CODIS</i>. - Peritos.	- CODIS (<i>PT</i>, Representative Specimen). - <i>YHRD</i>. - <i>EMPOP</i>. - Logs.
5.Comunicación y cierre	- Emisión de dictamen pericial. - Comunicación a autoridad. - Actualización de registros. - Auditoría post-acción. - Lecciones aprendidas.	- Peritos. - Secretaría/archivo. - Seguridad TI. - <i>COMSIGENI</i>.	- Plantillas de informe. - Almacén de vestigios.

Tabla 6. Fases del protocolo nacional de identificación de cadáveres en grandes catástrofes (elaboración propia).

6.2 Análisis de la aportación de valor generado por el protocolo diseñado

6.2.1 Modelo Gartner: base conceptual para la aportación de valor en TIC

En la gestión estratégica de tecnologías de la información (TI), la medición del valor generado por una solución tecnológica no debe limitarse a su funcionalidad técnica, sino que debe considerar su impacto en la misión organizativa y en los objetivos estratégicos. El *modelo Gartner* de generación de valor (*Run, Grow, Transform, Protect*) constituye un marco conceptual ampliamente reconocido en la dirección TIC, que permite evaluar cómo la tecnología contribuye al rendimiento global de una organización desde una perspectiva holística. [46]

Este enfoque parte de una premisa fundamental: el valor no reside en lo que la tecnología hace, sino en lo que permite conseguir. Por ello, la evaluación se centra en beneficios tangibles como continuidad operativa, ampliación de capacidades, transformación metodológica y protección normativa, en lugar de describir características técnicas. Dicho modelo traslada el análisis desde el dominio técnico hacia el dominio del usuario y la misión institucional, donde realmente se mide el impacto de las TIC. [47]

Las cuatro dimensiones del modelo Gartner son:

Run (Operar): Garantizar la estabilidad y eficiencia de los servicios críticos, asegurando continuidad y reducción de errores en procesos esenciales.

Grow (Hacer crecer): Ampliar la capacidad del sistema para gestionar más casos, más datos y más relaciones, incrementando la cobertura técnica y la interoperabilidad.

Transform (Transformar): Rediseñar procesos mediante la adopción de metodologías innovadoras y protocolos reproducibles, habilitando capacidades antes inexistentes.

Protect (Proteger): Reforzar la seguridad, el cumplimiento normativo y la protección de datos sensibles, integrando mecanismos de auditoría y trazabilidad.

Este marco conceptual es especialmente relevante en entornos críticos como la identificación genética en Sucesos con Víctimas Múltiples (SVM), donde la tecnología no solo debe ser funcional, sino también estratégica, contribuyendo a la eficiencia operativa, la calidad de las decisiones y la confianza institucional.

6.2.2 Análisis del impacto del protocolo bajo el enfoque Gartner

La aportación de valor del protocolo de actuación diseñado y propuesto, basado en la integración del módulo *PT* con el software *CODIS*, puede interpretarse de manera rigurosa mediante el *enfoque Gartner* de generación de valor (*Run, Grow, Transform, Protect*), modelo ampliamente utilizado en la dirección TIC para evaluar cómo la tecnología contribuye al rendimiento global de una organización. Este marco permite trasladar el análisis desde el dominio técnico (propio de la genética forense y del funcionamiento interno del software) hacia el dominio del usuario y de la misión, que es donde realmente se mide el impacto de las TIC.

De este modo, el valor aportado por las TIC no se evalúa describiendo *qué hace la tecnología (infraestructura)*, sino *qué permite conseguir*; es decir, se ha de poner el foco en el valor para el usuario y no en las características técnicas, según se ha analizado en la asignatura COM1 del Máster DIRETIC.

En este caso concreto: más capacidad, mayor eficiencia, decisiones de mayor calidad y un nivel superior de seguridad.

Así, en el ámbito de los *Sucesos con Víctimas Múltiples (SVM)*, este cambio conceptual resulta clave: las instituciones responsables no necesitan conocer los detalles algorítmicos de *PT*, sino entender cómo su uso estandarizado:

- mejora la tasa de identificación,
- reduce falsos negativos,
- acorta los tiempos de respuesta y
- disminuye riesgos en la cadena de custodia.

Siguiendo esta lógica, el *modelo de Gartner* permite clasificar la aportación de *CODIS+PT* en cuatro dimensiones complementarias:

i) *Run (Operar)*:

- Teóricamente, lo que debe hacer la TI para mostrar valor es demostrar que las operaciones son eficientes y están enfocadas en las prioridades correctas.
- Por tanto, en el ámbito del TFM, implica garantizar que el servicio crítico de identificación genética se ejecuta de forma continua, homogénea y sin errores entre SDIS y los LDIS. Desde el punto de vista de valor, “operar” (soportar) equivale a asegurar estabilidad, disponibilidad y eficiencia operativa, elementos fundamentales en situaciones del ámbito de actuación que analiza este TFM.

ii) *Grow (Hacer crecer)*:

- Teóricamente la TI hace crecer el negocio cuando garantiza capacidad; es decir, permite a la organización llegar más lejos en lo que se hace.
- Por tanto, en el ámbito del TFM, implica ampliar la capacidad del sistema para llegar a más casos, más relaciones familiares y más datos con fiabilidad estadística, aumentar la cobertura técnica (STR, Y-STR, ADNmt), mejorar la interoperabilidad entre instituciones y maximizar la proporción de perfiles que pueden ser vinculados de forma válida.

iii) *Transform (Transformar)*:

- Teóricamente, la TI puede transformar el negocio al permitir nuevas propuestas de valor para nuevos segmentos de clientes (con nuevos productos y servicios). Esto sucede (Tema 2 de COM1) cuando el director de TI está alineado y por tanto conoce lo que busca la organización), consiguiendo que materialicen nuevas decisiones estratégicas.
- Por tanto, en el ámbito del TFM, implica rediseñar el proceso de identificación mediante la adopción de metodologías basadas en evidencia estadística (*LRs*, *JPLR*, *CPLR*) y en un protocolo nacional que permita decisiones reproducibles y auditables. Según *Gartner*, la transformación ocurre cuando TI habilita nuevas capacidades que antes no eran posibles.

iv) *Protect (Proteger)*:

- Teóricamente, la TI puede proteger reforzando la seguridad, el cumplimiento normativo y el respeto a las garantías éticas.

- Por tanto, en el ámbito del TFM, en relación a los datos genéticos, este cuadrante es particularmente crítico: auditoría, segregación de funciones, anonimización y control de perfiles especiales no son tareas accesorias, sino un componente esencial del valor generado por TIC.

Por tanto, el uso de *CODIS*, su módulo *PT* y el protocolo nacional diseñado en este TFM, permite afirmar que la identificación genética en *SVM* genera valor, alineado con la misión pública de garantizar identificaciones seguras, rápidas y robustas. Este enfoque trasciende la dimensión técnica, pues la tecnología se convierte en un factor estratégico capaz de mejorar la toma de decisiones, aumentar la eficiencia en los procesos y fortalecer la confianza institucional y ciudadana en situaciones de máxima criticidad.

La siguiente matriz que resume la aportación de valor de *CODIS+PT* dentro del “*Protocolo Nacional de Identificación de Cadáveres en Grandes Catástrofes*”:

Cuadrante	Definición de valor	Aplicación en este TFM (CODIS + PT)	Ejemplos operativos	KPIs clave
<i>Run (Operar)</i>	Asegurar continuidad del servicio crítico de identificación genética y la coordinación <i>SDIS/LDIS</i> .	- Estandarizar búsquedas con <i>PT-MP</i> y <i>PT-STN</i>. - Umbrales estadísticos. - Gestión de ventanas operativas. - Representative Specimen para reasociación. - Control de metadatos.	- Búsquedas <i>PT-MP</i> para 1º grado. - Reasociación de restos en <i>HIGH</i>. - Desarrollo de ventanas operativas.	- Disponibilidad <i>SDIS/LDIS</i> (%). - Tiempo de ciclo búsqueda→dictamen. - % <i>PT</i> configurados sin errores.
<i>Grow (Expandir)</i>	Ampliar cobertura, alcance y tasa de identificaciones válidas en <i>SVM</i> .	- Incorporar <i>Y-STR</i> y <i>ADNmt</i> de forma sistemática. - Aumentar nº de STRs. - Integrar <i>DRS</i>. - Compartir datos entre instituciones. - Usar <i>PT-STN</i> para 2º grado.	- Identificación de hermanos, tíos, abuelos. - Reducción de falsos negativos. - Ranking por <i>CPLR</i>.	- Tasa de identificación válida. - Cobertura de técnicas. - % <i>DRS</i> verificadas.
<i>Transform (Transformar)</i>	Rediseñar proceso con base estadística (<i>JPLR</i> , <i>LRs</i> , <i>CPLR</i>) y protocolo nacional <i>DVI</i> .	- De <i>LOW</i> por alelos compatibles a <i>PT</i> por evidencia estadística - Protocolo <i>COMSIGENI</i>. - Cuadro de mando y priorización basada en riesgo.	- Umbrales <i>PT-MP/PT-STN</i>. - Dos <i>PT</i> cuando hay grados de parentesco distintos. - Trazabilidad y aprendizaje del simulacro.	- Reducción de compatibilidades adventicias. - % decisiones por umbral. - Tiempo de formación→competencia.

<i>Protect (Proteger)</i>	- Cumplimiento legal, ética y seguridad - Integridad de las muestras y cadena de custodia.	- Anonimización en <i>CODIS</i> - Segregación de funciones. - Auditoría de búsquedas. - Control de perfiles especiales (<i>IS/DRS</i>);	- Trazabilidad de <i>PT</i> y búsquedas - Exclusión automática bajo umbral. - Control de mismatches y pérdidas alélicas.	- No conformidades/auditorías. - Incidentes de seguridad. - % búsquedas auditables.
-------------------------------	---	--	--	---

Tabla 7. Aportación de valor del “Protocolo Nacional de Identificación de Cadáveres en Grandes Catástrofes con el uso de perfiles genéticos en CODIS” (elaboración propia).

7 CONCLUSIONES Y LÍNEAS FUTURAS

7.1 Conclusiones

El presente trabajo ha abordado la identificación genética en escenarios de grandes catástrofes desde una perspectiva integral, combinando análisis teórico, metodológico y operativo.

El marco teórico y normativo analizado confirma la relevancia de la genética forense como herramienta esencial frente a las limitaciones de métodos tradicionales, destacando la importancia de la infraestructura tecnológica y legal en España, con especial atención al sistema *CODIS* y la *Base de Datos Nacional de ADN*, que aseguran interoperabilidad y protección de datos.

Tras la evaluación integral del ejercicio en el seno de *COMSIGENI* y el análisis detallado de los resultados obtenidos, se han identificado aspectos clave que impactan directamente en la eficacia de los procesos de identificación genética en escenarios de grandes catástrofes. Estas conclusiones recogen tanto los aprendizajes derivados de la aplicación práctica del módulo *PT* en *CODIS* como las recomendaciones estratégicas para optimizar la interoperabilidad, la fiabilidad estadística y la estandarización de procedimientos.

El objetivo principal es consolidar un marco metodológico y operativo que sirva de referencia para la confección del “*Protocolo Nacional de Identificación de Cadáveres en Grandes Catástrofes mediante el uso de perfiles genéticos en CODIS*”, garantizando la coordinación interinstitucional y la alineación con estándares internacionales. Además, este protocolo aporta un valor estratégico medible en cuatro dimensiones, según el *modelo Gartner (Run, Grow, Transform, Protect)*, convirtiendo la tecnología en un factor clave para mejorar la eficiencia operativa, reducir tiempos de respuesta y fortalecer la confianza institucional y ciudadana en escenarios de máxima criticidad.

Las conclusiones que se presentan a continuación abarcan un espectro amplio que va desde la fundamentación teórica y normativa, pasando por la metodología aplicada, hasta la definición de estrategias técnicas específicas y recomendaciones operativas, incluyendo líneas futuras de investigación orientadas a la mejora continua del sistema.

i) Análisis de la metodología aplicada al trabajo

La metodología adoptada en este estudio se distingue por su carácter mixto, integrando enfoques cualitativos y cuantitativos para ofrecer una visión completa y rigurosa del objeto de análisis. El componente cualitativo, sustentado en una revisión exhaustiva de literatura especializada, aporta el marco conceptual necesario para interpretar los resultados y garantizar coherencia con los estándares internacionales. Este análisis descriptivo, transversal y retrospectivo permite contextualizar la práctica investigativa y fundamentar las decisiones técnicas.

Por su parte, *el enfoque cuantitativo se materializó mediante simulacros DVI en la Base de Datos Nacional de ADN*, incorporando perfiles ficticios en entornos reales para evaluar la funcionalidad del módulo *PT* en *CODIS*. Este procedimiento incluyó la generación automatizada de perfiles genéticos, la aplicación de técnicas *STR*, *Y-STR* y *ADNmt*, y la configuración de árboles genealógicos complejos, validando la operatividad del sistema y detectando limitaciones críticas. La evidencia numérica obtenida confirma la viabilidad del protocolo propuesto y refuerza la necesidad de ajustes orientados a optimizar la precisión y la interoperabilidad.

En conjunto, esta metodología no solo garantiza la solidez teórica y práctica del estudio, sino que también establece una base confiable para la implementación de protocolos nacionales en escenarios de identificación masiva.

ii) Análisis marco teórico y normativo

El estudio del estado del arte confirma la relevancia crítica de la identificación personal en escenarios de grandes catástrofes, donde la genética forense se posiciona como herramienta insustituible frente a las limitaciones de métodos tradicionales. La revisión realizada no solo describe los sistemas genéticos más empleados (*STR autosómicos*, *Y-STR* y *ADNmt*), sino que analiza sus ventajas, limitaciones y la necesidad de incorporar cálculos estadísticos que aporten rigor y objetividad a las conclusiones periciales.

Asimismo, se destaca la importancia de la infraestructura tecnológica y normativa en España, con especial énfasis en el sistema *CODIS* y la estructura jerárquica de la *Base de Datos Nacional de ADN*, que garantizan interoperabilidad institucional y protección de datos personales. Este marco teórico y legal constituye el soporte indispensable para el desarrollo metodológico y práctico del trabajo, asegurando que las propuestas se alineen con estándares internacionales y principios éticos.

En conjunto, este análisis proporciona una base sólida que integra ciencia, técnica y normativa, permitiendo sustentar la viabilidad del protocolo propuesto y su aplicación en contextos reales de identificación masiva.

iii) Análisis de la evolución y mejoras en los procesos de identificación

El análisis realizado evidencia la necesidad crítica de optimizar los procesos de identificación genética en contextos forenses y humanitarios, especialmente ante escenarios de grandes catástrofes. Las limitaciones del algoritmo tradicional de búsqueda en *LOW*, que permiten la generación de compatibilidades fortuitas y baja eficacia en casuística con familiares de segundo grado, ponen de manifiesto la insuficiencia de los métodos previos utilizados en nuestro país.

La incorporación del módulo *PT* en *CODIS* supone un avance sustancial, al integrar cálculos estadísticos robustos y técnicas complementarias (*STR autosómicos*, *Y-STR* y *ADNmt*), reduciendo falsos positivos y ampliando las posibilidades de identificación en casos complejos. No obstante, persiste la necesidad de desarrollar protocolos técnicos específicos que aseguren la coordinación interinstitucional y la operatividad en situaciones de emergencia masiva.

Este contexto justifica plenamente la propuesta metodológica planteada en el presente trabajo, consolidando la base para un sistema más eficiente, seguro y alineado con estándares internacionales.

iv) Diseño del *Protocolo Nacional de Identificación de Cadáveres en Grandes Catástrofes*

El diseño del *Protocolo Nacional de Identificación de Cadáveres en Grandes Catástrofes* constituye un avance decisivo para garantizar una respuesta coordinada, rápida y trazable en escenarios de alta complejidad. Basado en la integración del módulo *PT* en *CODIS* y en el uso combinado de técnicas genéticas (*STR autosómicos*, *Y-STR* y *ADNmt*), este marco operativo se adapta al contexto normativo español y europeo, asegurando interoperabilidad entre instituciones y cumplimiento legal.

La estructura del protocolo en cinco fases (activación, recogida y registro, procesamiento analítico, búsqueda y validación, y comunicación y cierre) permite estandarizar procedimientos, reducir errores y optimizar recursos. Cada fase define roles, responsabilidades y procesos críticos, desde la activación por autoridad competente hasta la emisión del dictamen pericial y la auditoría post-acción. Este enfoque asegura:

- Eficacia en la identificación, aumentando la tasa de casos resueltos y reduciendo tiempos de respuesta.
- Eficiencia operativa, minimizando compatibilidades fortuitas y simplificando la gestión de datos.
- Seguridad y trazabilidad, mediante controles de calidad, gestión de metadatos y auditorías sistemáticas.

En conjunto, el protocolo no solo estandariza la actuación en Sucesos con Víctimas Múltiples, sino que también fortalece la confianza institucional y ciudadana, consolidando un modelo de referencia para la identificación genética en situaciones de emergencia masiva.

v) Análisis del valor estratégico generado por el protocolo

La evaluación del protocolo diseñado, basado en la integración del módulo *PT* con el software *CODIS*, confirma que su aportación de valor trasciende la dimensión técnica y se alinea con el *modelo Gartner (Run, Grow, Transform, Protect)*, ampliamente utilizado en la gestión TIC. Este enfoque permite interpretar el impacto del protocolo no solo en términos de funcionalidad, sino en relación con la misión pública y la eficiencia institucional en escenarios críticos.

En el cuadrante *Run*, el protocolo asegura continuidad operativa, estabilidad y coordinación entre niveles *SDIS* y *LDIS*, garantizando búsquedas homogéneas y reducción de errores. En *Grow*, amplía la capacidad del sistema para gestionar más casos y relaciones familiares, incorporando técnicas complementarias (*STR*, *Y-STR*, *ADNmt*) y mejorando la interoperabilidad entre instituciones. En *Transform*, habilita un rediseño del proceso de identificación basado en evidencia estadística (*LRs*,

JPLR, *CPLR*) y en un protocolo nacional reproducible y auditable, lo que supone un cambio sustancial respecto a métodos previos. Finalmente, en *Protect*, refuerza la seguridad, el cumplimiento normativo y la protección de datos, integrando auditoría, anonimización y control de perfiles especiales como componentes esenciales del valor generado.

En conjunto, la adopción de *CODIS+PT* y del protocolo nacional propuesto convierte la tecnología en un factor estratégico capaz de mejorar la toma de decisiones, reducir tiempos de respuesta, minimizar riesgos y fortalecer la confianza institucional y ciudadana en situaciones de máxima criticidad. Este valor integral consolida la propuesta como una herramienta indispensable para la gestión eficiente y segura de Sucesos con Víctimas Múltiples.

vi) Establecimiento de factor diferenciador

En relación con la configuración de búsquedas en *CODIS* para casuística vinculada con grandes catástrofes, en donde tendrán que convivir los perfiles genéticos preexistentes de cadáveres, restos humanos sin identificar y familiares buscadores, con los aportados en estos sucesos, se establece que es necesario contar con un “factor común” y “diferenciador” en el Código Identificador de los nuevos perfiles introducidos en BD con motivo de una gran catástrofe, así como para el posterior desarrollo de los *PT*. Esto permita discriminar los perfiles genéticos previos almacenados en *CODIS* y facilitar el desarrollo de las búsquedas de forma exclusiva con los perfiles involucrados en esta cáustica.

Por ello, todos los perfiles introducidos en relación con estos sucesos deberán llevar una cabecera “exclusiva” y que se diferenciará de todos los perfiles previos almacenados tanto en *SDIS* como en los *LDIS*. De la misma forma, todos los *PT* desarrollados por cada *LDIS* deberán llevar la misma cabecera “exclusiva”, para posteriormente completar el resto del *PT* con la información vinculada con el perfil del familiar/es de las personas desaparecidas.

La raíz común en el Identificador de *CODIS* e Identificador de *PT*, debe ser consensuado entre los laboratorios participantes junto con el administrador del nivel estatal *SDIS*, pudiendo utilizar el nombre clave que se asigne en el lugar del suceso (que forme parte del N° de LEVANTAMIENTO) o en caso de ser muy largo, una sigla o acrónimo de éste (el Identificador de *CODIS* admite un número máximo de 24 caracteres sin espacios en blanco).

Ejemplo: Supongamos la última gran catástrofe cerrada en relación con el incendio sucedido en el edificio del barrio de Campanar en Valencia. Para este suceso se decidió utilizar “IVA” (Incendio Valencia) como cabecera de todos los perfiles genéticos vinculados tanto con las víctimas, como con los familiares de referencia. De esta forma el Identificador de *CODIS* de un cadáver sin identificar (*Unidentified Person*) quedaría: IVA-24-01234-01-V y la de un familiar de referencia que ha denunciado en Madrid la desaparición de un familiar en relación a ese incendio (*Biological Father*) quedaría: IVA-24-43210-01-M. En la configuración del Identificador de *PT* correspondiente a ese padre de referencia quedaría: PT-IVA-24-43210-01-M.

vii) Priorización de las muestras directas de referencia (DRS) en la identificación genética

La mejor muestra de referencia para buscar e identificar a una persona desaparecida, es la Direct Reference Sample (DRS o muestras atribuidas en vida). Estas se definen en la BD nacional de ADN como:

- *Missing Person* (desaparecido): perfil genético obtenido de una muestra de referencia “atribuible” a una persona desaparecida de la que no se tiene duda (muestra custodiada). Conviene corroborar su compatibilidad con muestras indubitadas de familiares.

- *Deduced Missing Person*: perfil genético de una muestra “atribuible” a un desaparecido, obtenida generalmente a partir de efectos personales del desaparecido (cepillo de dientes, maquinilla de afeitar, etc.). Conviene corroborar su compatibilidad con muestras indubitadas de familiares.

Por ello, siempre que se presente una denuncia relacionada con la posible implicación de una persona como víctima en un *SVM*, se instará al familiar buscador a que aporte alguna DRS de entre aquellas posibles que se consideren más adecuadas. Antes de su almacenamiento y siempre que sea posible, se comprobará su validez mediante comparación con las muestras de referencia de familiares (especialmente padre o madre, hijo/a, hijos/as y, en último caso si existen técnicas alternativas de análisis con *Y-STR's* o *ADNmt*, hermano/a, hermanos/as). En el caso de que la comprobación confirme la DRS, no será necesario almacenar en *CODIS* los perfiles de los familiares y no se creará el correspondiente *PT* (no obstante, es algo opcional y quedará a criterio de los *LDIS* involucrados).

Las DRS podrá buscarse directamente contra los cadáveres que estén relacionados con el *SVM* en *HIGH*.

viii) Aseguramiento de perfiles de cadáveres o restos humanos

En relación con los cadáveres o restos humanos sin identificar incluidos en la BD nacional de ADN, estos se definen como:

- *Unidentified Person*: perfil genético obtenido de cualquier cadáver no identificado, siempre y cuando se tenga la absoluta certeza de que se corresponde con un cuerpo completo.

- *Unidentified Human Remain*: perfil genético obtenido de cualquier resto cadavérico humano incompleto.

Los laboratorios se deberán asegurar que los perfiles correspondientes a los cadáveres sin identificar introducidos en *CODIS* bajo las anteriores *Categorías de Perfiles*, cuentan con todas las técnicas de análisis que se consideren oportunas para la correcta identificación (*STR's* autosómicos, *Y-STR's* y *ADNmt*) y que han sido importados correctamente por el software. Para ello, se deberá consultar cada perfil introducido en *CODIS* y confirmar la correcta importación de todas las técnicas. La no asignación de técnicas complementarias al ADN autosómico en alguna casuística puede dar lugar a falsos negativos por no haberse realizado convenientemente las búsquedas con todas las técnicas auxiliares. Resulta especialmente relevante cuando únicamente se cuentan con familiares de referencia que forman parte del *PT* a partir de segundo grado.

Será también relevante, que los laboratorios comprueben la correcta asignación alélica de los marcadores a introducir en *CODIS*, especialmente cuando los restos cadavéricos hayan estado sometidos

a condiciones extremas que supongan su posible degradación/destrucción del ADN (incendios, explosiones, productos químicos, etc.)

Cuando, después de desarrollar las búsquedas oportunas, no se obtengan resultados positivos con algún/os cadáveres y se tenga constancia de que se trata de restos cadavéricos (*Unidentified Human Remain*), será oportuno realizar búsquedas en *HIGH* entre todos los cadáveres, permitiendo alguno/s *miss match* (discrepancia en la coincidencia de alelos). Incluso se puede plantear la configuración de un *PT* en *STN* con los propios perfiles de los cadáveres, simulando la búsqueda de un hermano/a para confirmar que no se tratan de restos cadavéricos con pérdidas alélicas (desaparición de un alelo real correspondiente a un *STR*'s de perfil genético, motivado por problemas de análisis y amplificación con muestras genéticas degradadas).

Otra opción que deben valorar los laboratorios genéticos en sucesos donde se hayan generado fragmentación de cuerpos, consiste en realizar, inicialmente, una búsqueda en *HIGH* para reasociar los posibles restos cadavéricos y crear una muestra representativa en *CODIS* (*Representative Specimen*) que permita su vinculación de todos los perfiles correspondientes al mismo cadáver para facilitar la valoración de las compatibilidades en siguientes búsquedas.

En algunas situaciones, los metadatos correspondientes a los cadáveres pueden ayudar a tomar la decisión de confirmar o rechazar una compatibilidad ofertada por la BD, especialmente en catástrofes cerradas. Por tanto, es de interés realizar la incorporación de los metadatos correspondientes a los *Unidentified Person* y que son obtenidos durante el examen/autopsia, e introducidos junto con el perfil genético. Estos incluyen: Sexo, grupo étnico, rango de edad, altura, comentarios, anomalías físicas, cicatrices/marcas/tatuajes, fecha de hallazgo, lugar de hallazgo, provincia de hallazgo y localidad de hallazgo.

ix) Posibles situaciones familiares anómalas

En el desarrollo de los *PT* y correspondientes búsquedas en *CODIS*, es necesario tener presente que existe alguna posibilidad de que los familiares de referencia no tengan relación genética con la persona buscada. Muy especialmente en el caso de varones que desconocen que no son los padres biológicos, e hijos/as que no siempre comparten el mismo padre. Ante este tipo de situaciones y siempre que hayamos obtenido resultados negativos en BD con las búsquedas en primer grado (*MP*), será oportuno desarrollar nuevos *PT* teniendo en cuenta todas las posibilidades. Lo más habitual es prescindir del padre y configurar el *PT* en la Categoría *MP* únicamente con la madre.

CODIS tiene importantes limitaciones con las búsquedas desarrolladas a partir de segundo grado utilizando exclusivamente *STR*'s autosómicos, por lo que será primordial contar con los análisis complementarios auxiliares de los familiares de referencia en función de la relación de parentesco y a que familiar/es esté buscando (*Y-STR*'s y *ADNmt*). Esto permitirá aumentar las posibilidades de establecer compatibilidades mediante la coincidencia de las técnicas alternativas y que son de vital importancia en casuística de identificación de personas emparentadas a partir de segundo grado.

x) Aplicación práctica y evolución del protocolo nacional

Finalizado, revisado y consensuado por todos los miembros de COMSIGENI, desde la administración nacional de la BD de ADN se remitió el 7 de marzo de 2023, el documento titulado

“Protocolo Nacional de Identificación de Cadáveres en Grandes Catástrofes mediante el uso de perfiles genéticos en CODIS” a la Comisión Técnica Nacional de Sucesos con Víctimas Múltiples, para su integración en los manuales de referencia incorporados a la rutina de trabajo. También para su futura utilización por todas las instituciones involucradas a nivel nacional en dar respuesta a identificaciones genéticas de cadáveres generados en este tipo de casuística.

Durante el año 2024, con motivo del fatal incendio sucedió en un edificio del barrio de Campanar en Valencia y en el que fallecían 10 personas, la Policía Nacional, (en concreto el Grupo *CODIS* de la Unidad Central de Análisis Científicos con ORI ESSP28048), utilizó por primera vez el referido Protocolo para desarrollar la configuración de búsquedas utilizando el Módulo *PT* en este suceso, consiguiendo identificar de manera eficiente y eficaz a todos los cadáveres involucrados.

Posteriormente, y con motivo de las lluvias torrenciales en la Comunidad Autónoma Valencia y de Castilla la Mancha (DANA) en octubre de 2024, en el que fallecieron 226 personas, se empleó por primera vez el Protocolo a nivel nacional y coordinado por la administración nacional de la BD de ADN, habiéndose identificado hasta la fecha de finalización del presente trabajo 225 personas.

Se está realizando un seguimiento sistemático de los resultados obtenidos tras la aplicación del *“Protocolo Nacional de Identificación de Cadáveres en Grandes Catástrofes mediante el uso de perfiles genéticos en CODIS”* en los distintos acontecimientos relacionados con *SVM*. El objetivo reside en identificar posibles áreas de mejora, evaluar la necesidad de modificar los umbrales estadísticos establecidos y proponer reformas en el protocolo, con la finalidad de optimizar la eficacia y la eficiencia en la identificación genética de las personas implicadas.

7.2 Conclusión Especial: Estrategia avanzada para la configuración de *Pedigree Trees*

La configuración de los *PT* es de vital importancia para ser eficaces en la gestión de búsquedas genéticas, y viene condicionada por el número de los cadáveres buscados, la relación de parentesco entre ellos y las técnicas genéticas disponibles. No es lo mismo que un *PT* busque a un único familiar desaparecido, a que se busquen a varios familiares desaparecidos y que estos lo hagan teniendo relaciones de parentesco de primer o de mayor grado.

Como ocurre con los posibles metadatos a incluir correspondientes a los cadáveres, los datos aportados por los familiares de referencia pueden ser importantes en la decisión final de establecer o rechazar una posible vinculación genética de un cadáver a un *PT*, especialmente en catástrofes cerradas. Es por ello de interés, valorar la posible inclusión de los siguientes metadatos en la configuración del *PT*: Sexo del desaparecido, Grupo étnico, fecha de nacimiento (edad), altura, anomalías físicas, cicatrices/marcas/tatuajes, fecha de último contacto, lugar de último contacto, localidad último contacto y comentarios adicionales.

A continuación, se relacionan las mejores opciones de configuración de un *PT* en función de número de cadáveres a buscar y la relación de parentesco de los familiares buscadores:

a) Cuando se busca identificar a un único cadáver

Para este tipo de casuística, se debe seguir lo establecido en la rutina de trabajo de *CODIS* al utilizar el Módulo *PT* implementado en España y definido para las Categorías:

- *MP*: Pertenecen a este índice de *PT* las Categorías genéticas correspondientes a un solo familiar de referencia, siempre que esté emparentado en primer grado, o varios familiares de referencia siempre que al menos uno de ellos esté emparentado en primer grado.

- *STN*. Pertenecen a este índice de *PT* las Categorías genéticas correspondientes a uno o varios familiares de referencia, siempre que estén emparentados en segundo o mayor grado.

Las condiciones de búsqueda de ambos índices son diferentes y su correcta aplicación evitará que se generen falsos negativos.

b) Cuando se buscan a varios cadáveres del mismo árbol genealógico

No es habitual en la rutina de trabajo diario encontrar este tipo de casuística, pero en catástrofes abiertas o cerradas con múltiples víctimas, es bastante probable que varias personas desaparecidas procedan del mismo árbol familiar. Para estos casos se debe seguir también lo establecido en la rutina de trabajo de *CODIS* al utilizar el módulo *PT* implementado en España y definido utilizando las anteriores Categorías *MP* y *STN*, pero teniendo presente las siguientes peculiaridades:

b.1) Cuando un familiar está buscando a varias personas emparentadas en el mismo grado, seguiremos la misma configuración que en el apartado A.

Ejemplos:

- Hija que busca a sus dos progenitores (Categoría *MP* con los nodos de padre y madre desconocidos).

- Abuelos que buscan a dos nietos (Categoría *STN* con los nodos de los dos nietos desconocidos).

- Mujer que busca a su hermana y a su sobrina (hija de esta anterior) (Categoría *STN* con los nodos de su hermana y su sobrina como desconocidos).

b.2) Cuando un familiar está buscando a varias personas emparentadas en diferente grado de parentesco, es necesario configurar dos *PT*. Uno para la Categoría *MP* que permitirá localizar a familiares emparentados en primer grado y otro para *STN* para localizar a familiares emparentados en segundo grado.

Existe otra opción posible configurando directamente un único *PT* por *STN*, pues ofertará a todos los posibles familiares si estos están disponibles en la BD, aunque lo oportuno es configurar ambos *PT* con las búsquedas diferenciadas. Esto permitirá mayor seguridad en las identificaciones al obtener unos valores estadísticos más altos en los candidatos ofertados por los diferentes parámetros de búsqueda utilizados.

Ejemplos:

- Varón que busca a sus progenitores y además a un hermano (configuración en la Categoría *MP* para buscar a los progenitores y configuración de la Categoría *STN* para buscar al hermano).

- Madre que busca a dos hijas y además a una hermana (configuración en la Categoría *MP* para buscar a las hijas y configuración de la Categoría *STN* para buscar a la hermana).

- Madre/abuela que busca a una hija y a una nieta (configuración de la Categoría *MP* para buscar a su hija y configuración la Categoría *STN* para buscar a su nieta).

b.3) Cuando varios familiares estén buscando a diferentes personas emparentadas en el mismo grado de parentesco, seguiremos la misma configuración que en el apartado A.

Ejemplos:

- Dos hijos que buscan a sus progenitores (configurar *PT* con la Categoría *MP*).

- Abuelos que buscan a dos nietos (configurar *PT* con la Categoría *STN*).

- Abuelo y tía que buscan a dos nietos y sobrinos respectivamente (configurar *PT* con la Categoría *STN*).

b.4) Cuando varios familiares estén buscando a diferentes personas emparentadas en diferente grado, seguiremos la misma configuración que en el apartado A, pero teniendo en cuenta los siguientes aspectos.

Si al menos uno de los familiares de referencia está emparentado en primer grado con alguna de las personas buscadas, se realizará la configuración de un *PT* por la Categoría *MP* para la persona desaparecida de primer grado, y un nuevo *PT* por la Categoría *STN* para la persona desaparecida que no sea en primer grado. En función de los resultados ofertados por la BD y confirmación de identidades, podrá ser oportuna la creación de nuevos *PT* incorporando como nodos conocidos a los cadáveres que se consideren identificados plenamente.

Ejemplo:

- Hijo/sobрино e hija/sobrina que buscan a su padre y a su tío respectivamente (hermano del padre). Se crearían dos *PT*, uno para buscar al padre (Categoría *MP*) y otro *PT* para buscar a su tío (*PT* Categoría *STN*). En el caso de identificar al padre, este puede integrarse en el *PT* en la Categoría *STN* como nodo conocido, para favorecer la búsqueda de su hermano.

Si ninguno de los familiares buscadores está emparentado en primer grado con alguna de las personas buscadas, se realizará la configuración de un *PT* por la Categoría *STN*.

Ejemplo:

- Abuelo y tío que buscan a dos nietas/sobrinas respectivamente.

b.5) Cuando uno de los progenitores busca a su pareja y a hijo/s, hija/s comunes, *CODIS* no es capaz de realizar la búsqueda del triángulo familiar, al tener como desconocidos al hijo/s, hija/s y a uno de los progenitores, por lo que este último no se estará buscando. Para desarrollar correctamente la búsqueda será necesario proceder de la siguiente manera:

Configurar *PT* por la Categoría *MP* con el progenitor que busca a hijo/s, hija/s. Ofertados los posibles candidatos y confirmada la relación de parentesco con su descendiente/s, configurar un nuevo *PT* en la Categoría *MP* integrado por la pareja e hijo/s, hija/s ya identificados para buscar al otro progenitor.

b.6) Cuando tenemos a uno o varios familiares de referencia y alguno/s no fueran idóneos para encontrar a alguna/s de las personas desaparecidas, pero sí para encontrar a otras, se omitirá ese familiar en la formación del *PT* y se utilizarán sólo los familiares que puedan aportar coherencia a la búsqueda (incluir familiares no idóneos en el *PT* ralentiza enormemente las búsquedas en *CODIS* y disminuye su eficiencia). En función de los resultados ofertados por la BD y confirmación de identidades, podrá ser oportuna la creación de nuevos *PT* incorporando como nodos conocidos a los cadáveres que se consideren identificados plenamente (o al menos con alta probabilidad), junto con aquellos familiares que, siendo inicialmente no idóneos ahora sí lo sean.

Ejemplo:

- Un varón y una mujer que buscan a dos sobrinos nietos también mujer y varón, con los que están emparentados por vía paterna. El sobrino-nieto puede compartir el haplotipo de *CR-Y* con su tío-abuelo, pero la sobrina nieta difícilmente puede ser encontrada en la búsqueda al no ser portadora de *CR-Y*. Además, la tía abuela aporta poco en la configuración del *PT* puesto que por *STR's* autosómicos es imposible encontrar la compatibilidad al estar emparentados en cuarto grado. Por este motivo es conveniente no integrar a la tía-abuela en la configuración del *PT* por la Categoría *STN*, y que estará únicamente conformado con el tío-abuelo que busca a ese sobrino nieto-varón. Una vez se obtenga al sobrino-nieto como posible candidato por el haplotipo de *CR-Y*, será oportuno configurar un nuevo *PT* por la Categoría *STN*, y que incluya únicamente al sobrino-nieto identificado, lo que permitirá aumentar las posibilidades de encontrar a su hermana si ambos tienen analizado el *ADNmt*.

7.3 Líneas futuras de investigación

A pesar de los avances logrados con el diseño y validación del protocolo nacional, la identificación genética en escenarios de grandes catástrofes sigue enfrentando retos que requieren innovación y mejora continua. Las líneas de investigación que se proponen a continuación buscan ampliar las capacidades técnicas, reforzar la interoperabilidad internacional y optimizar la eficiencia operativa mediante el uso de nuevas tecnologías y metodologías. Estas iniciativas no solo pretenden consolidar la fiabilidad del sistema actual, sino también anticipar las necesidades futuras en contextos cada vez más complejos y exigentes.

i) Evaluación de la incorporación de inteligencia artificial y aprendizaje automático

Se propone investigar cómo los algoritmos de IA pueden optimizar la configuración de *Pedigree Trees*, priorizar búsquedas y reducir tiempos de respuesta en escenarios de grandes catástrofes. La IA permitiría automatizar la selección de parámetros estadísticos (*LR*, *CPLR*) y mejorar la detección de compatibilidades complejas, especialmente en casos con parentescos lejanos o muestras degradadas. Además, se podrían desarrollar modelos predictivos para anticipar errores y proponer configuraciones más eficientes.

ii) Validación del protocolo en catástrofes abiertas y multinacionales

Es necesario comprobar la eficacia del protocolo en contextos donde intervengan instituciones de distintos países, evaluando la interoperabilidad técnica, legal y operativa. Este análisis debe contemplar

la armonización normativa, la gestión de datos transfronterizos y la integración de sistemas heterogéneos, garantizando la protección de datos y la trazabilidad en entornos internacionales.

iii) Profundización en la integración de metadatos forenses y biográficos

Se plantea estudiar el impacto de incorporar metadatos (edad, sexo, características físicas, lugar de hallazgo) en los procesos de búsqueda y validación. Esta línea busca determinar cómo la combinación de datos genéticos y contextuales puede reducir falsos positivos, mejorar la priorización de candidatos y aportar mayor robustez a las decisiones periciales.

iv) Valoración del uso sistemático de muestras directas (DRS)

Se propone analizar la eficacia del empleo prioritario de *DRS* (*Direct Reference Samples*) frente a perfiles familiares en distintos escenarios, evaluando su influencia en la tasa de identificación, la reducción de tiempos y la simplificación de procesos. Este estudio permitiría definir protocolos más eficientes y minimizar la dependencia de familiares en situaciones críticas.

v) Revisión y ajuste dinámico de umbrales estadísticos

Es necesario investigar la posibilidad de aplicar umbrales adaptativos (*LR*, *JPLR*, *CPLR*) en función de la calidad de las muestras y la complejidad del parentesco. Esta línea busca desarrollar modelos flexibles que permitan ajustar los criterios de identificación en tiempo real, evitando tanto falsos positivos como falsos negativos.

vi) Desarrollo de sistemas de auditoría automatizada y trazabilidad digital

Se plantea la creación de herramientas que permitan auditar automáticamente las búsquedas y configuraciones realizadas en *CODIS*, reforzando el cumplimiento normativo y la seguridad en el manejo de datos genéticos sensibles. Esto incluiría la generación de registros inalterables y la implementación de mecanismos de control basados en *blockchain* o tecnologías equivalentes.

vii) Estudio comparativo del impacto del protocolo en catástrofes cerradas vs abiertas

Analizar cómo varía la eficacia y la operatividad del protocolo nacional en dos escenarios diferenciados: catástrofes cerradas, donde el número de víctimas está delimitado y las relaciones familiares son más fáciles de establecer; frente a catástrofes abiertas, caracterizadas por incertidumbre en el número de afectados, dispersión geográfica y mayor complejidad en la recolección de datos.

El estudio debería abordar aspectos como: Tiempos de respuesta y tasa de identificación en cada tipo de suceso; impacto en la configuración de *Pedigree Trees*, considerando la disponibilidad y calidad de muestras (*DRS* vs familiares); gestión de metadatos y trazabilidad, evaluando si las estrategias actuales son suficientes en escenarios abiertos con múltiples jurisdicciones; carga operativa y recursos necesarios, identificando si el protocolo requiere adaptaciones para optimizar la eficiencia en contextos

con alta dispersión de víctimas y riesgo de compatibilidades adventicias y falsos negativos, comparando la incidencia en ambos escenarios y proponiendo ajustes en umbrales estadísticos.

El objetivo final sería definir adaptaciones específicas del protocolo para cada contexto, garantizando que las estrategias aplicadas en catástrofes cerradas (más controladas) y abiertas (más dinámicas y complejas) maximicen la eficacia, reduzcan errores y optimicen el uso de recursos humanos y tecnológicos.

Esta línea busca identificar diferencias operativas y resultados entre ambos escenarios, proponiendo adaptaciones específicas para cada contexto. El análisis permitirá optimizar recursos y definir estrategias diferenciadas según el tipo de suceso.

8 BIBLIOGRAFÍA

- [1] M. d. I. Gobierno de España, «Memoria de base de datos policial de identificadores obtenidos a partir del ADN (Publicación NIPO 126-19-053-9).», 2024. [En línea]. Available: <chrome-extension://efaidnbmnnnibpcajpcgclefindmkaj/https://www.interior.gob.es/opencms/pdf/archivos-y-documentacion/documentacion-y-publicaciones/publicaciones-descargables/publicaciones-periodicas/Base-de-datos-policial-de-identificadores-obtenidos-a-pa>.
- [2] R. Byard y C. Winksong, «Potential problems arising during international disaster victim identification (DVI) exercises. Forensic Sci Med Pathol, 1-2.,» 2010.
- [3] Gobierno de España. Ministerio de Justicia, «Guía para identificación de víctimas. Comisión técnica nacional para sucesos con víctimas múltiples. Madrid.,» 2011. [En línea]. Available: https://www.transportes.gob.es/recursos_mfom/comodin/recursos/20guia_ident_va.pdf.
- [4] N. Y. C. Government USA, «Forensic Biology CODIS Manual. NYC Office of chief medical examiner.,» 2019. [En línea]. Available: <https://www.nyc.gov/assets/ocme/downloads/pdf/technical-manuals/forensic-biology-codis-manual/CODIS-Terms-and-Abbreviations.pdf>.
- [5] M. d. I. Gobierno de España, «Ley Orgánica 10/2007, de 8 de octubre, reguladora de la base de datos policial sobre identificadores obtenidos a partir del ADN. Boletín Oficial del Estado, 9 de octubre de 2007, núm. 242.,» 2007. [En línea]. Available: <https://www.boe.es/buscar/act.php?id=BOE-A-2007-17634>.
- [6] O. García, A. Alonso y P. Martín, «Frecuencias alélicas de 21 marcadores STR autosómicos en población española: Aplicación en genética forense. Revista Española de Medicina Legal, 44(3), 123–130.,» 2018. [En línea]. Available: <https://doi.org/10.1016/j.reml.2018.06.002>.
- [7] J. Álvarez, B. Martínez-Jarreta y J. Lorente, «Aplicación de los marcadores Y-STR en genética forense: estudio en población española. Revista Española de Medicina Legal, 28(3), 101–108.,» 2002. [En línea].
- [8] V. Álvarez, «“Estudio multidisciplinar de la variabilidad del ADN Mitocondrial en poblaciones humanas”. Ed. Universidad de Santiago de Compostela. Santiago de Compostela.,» 2008. [En línea].

- [9] A. & R. M. Cvetkovic-Vega, «Diseños de investigación en ciencias de la salud: estudios descriptivos, transversales y retrospectivos. Revista Médica Clínica Las Condes, 30(2), 123–130.,» 2019. [En línea]. Available: <https://doi.org/10.1016/j.rmcl.2019.03.004>.
- [10] F. A. I. González y S. London, «<https://doi.org/10.36995/j.visiondefuturo.2021.25.01.002>,» 2021. [En línea].
- [11] E. A. Rodríguez Valverde, «Desastres bajo los Objetivos de Desarrollo Sostenible: Gestión de riesgos de desastres del Perú. Universidad San Ignacio de Loyola,» 2020.
- [12] Gobierno de España. Ministerio de Justicia, «Real Decreto de 14 de septiembre de 1882 por el que se aprueba la Ley de Enjuiciamiento Criminal. Boletín Oficial del Estado, núm. 260, de 17 de septiembre de 1882.,» 1882. [En línea]. Available: <https://www.boe.es/buscar/act.php?id=BOE-A-1882-6036>.
- [13] Gobierno de España. Ministerio de la Presidencia., 2009. [En línea]. Available: <https://www.boe.es/buscar/doc.php?id=BOE-A-2009-2029>.
- [14] Gobierno de España. Ministerio de la Presidencia, «Real Decreto 32/2009, de 16 de enero, por el que se aprueba el Protocolo nacional de actuación Médico-forense y de Policía Científica en sucesos con víctimas múltiples. Boletín Oficial del Estado, núm. 32, de 6 de febrero de 2009, pp. 12630–12673.,» 2009. [En línea]. Available: <https://www.boe.es/buscar/doc.php?id=BOE-A-2009-2029>.
- [15] A. Luna y M. Laborda, Identificación de víctimas en grandes catástrofes, Murcia: España, 2016.
- [16] M. I. Barreto, «La identidad y la identificación en el contexto de la antropología forense. Maguaré, (13), 253–270.,» 1998. [En línea]. Available: <https://revistas.unal.edu.co/index.php/maguare/article/view/69138>.
- [17] A. (. Pérez, Manual Práctico de Dactiloscopia, Buenos Aires: Policial, Policía Federal, 1995.
- [18] J. G. Barnes, El Libro de Referencia de las Huellas dactilares (pp. 1-19)., National Institute of Justice, 2017.
- [19] J. (. Arango, Odontología Forense en la identificación humana, Ciudad Medellín: Editorial Sello, 2013.
- [20] D. Hartman, O. Drummer, C. Eckhoff, W. Scheffer y P. Stringer, «The contribution of DNA to the disaster victim identification (DVI) effort.,» *Forensic Sci Int.*, pp. 205, 52-58., 2011.
- [21] Y. Ruiz, E. Hernandis, A. Carracedo y L. Prieto, «Valoración de la prueba de ADN en las identificaciones a gran escala de personas desaparecidas.,» 2022. [En línea]. Available: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S037747322100095X>.
- [22] Comité Internacional de la Cruz Roja, «Identificación forense de restos humanos.,» 2018. [En línea]. Available: <https://www.icrc.org/sites/default/files/external/doc/es/assets/files/publications/icrc-003-4154.pdf>.
- [23] Prinz M., A. Carracedo , M. Prinz, T. Parson y W. Mayr, «Recommendations regarding the role of forensic genetics for disaster victim identification (DVI),» 2020. [En línea]. Available: <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2006.10.003>.
- [24] M. B. C. P. Crespillo, Genética forense, del laboratorio a los Tribunales. Diaz de Santos. Madrid., Madrid, 2019.

- [25] O. Piro, «Breve historia del ADN, su estructura y función.,» *Ciencia e investigación*, , pp. 64(3), 25-50., 2014.
- [26] S. a. R. L. Willuweit, «The new Y Chromosome Haplotype Reference Database,» *Forensic Science International: Genetics* 15. , p. p. 43–48, 2015.
- [27] L. Roewer, A. Meyer, J. Butler, A. Caliebe, D. Corach y S. Willuweit, «Recommendations on the interpretation of Y-STR results in forensic analysis (ISFG),» *Forensic Science International.*, 2020.
- [28] GHEP-ISFG, «Avances en el análisis de ADN mitocondrial con fines forenses: La colaboración GHEP-EMPOP,» 2011. [En línea]. Available: <https://lourditas.com/docs/papers/forensics-spanish/GHEP-EMPOP-2011.pdf>.
- [29] N. I. o. Justice, «Principles of Forensic DNA for Officers of the Court,» 2023. [En línea]. Available: <https://nij.ojp.gov/nij-hosted-online-training-courses/principles-forensic-dna-officers-court/02-biology-dna/biological-terminology/two-types-dna-nuclear-and-mitochondrial>.
- [30] J. Carralero Yepes, *Matemáticas aplicadas a la genética forense.*, Madrid: Ministerio del Interior, 2006.
- [31] D. Gjertson, C. Brenner, M. Baur, A. Carracedo, F. Guidet, J. Luque y N. Morling, «Gjertson, D., Brenner, C., Baur, M., Carracedo, A., Guidet F., Luque, J., ... Morling, N. (2007) ISFG: Recommendations on biostatistics in paternity testing.,» *Forensic Science International: Genetic*. ISSN: 1872-4973, pp. 223-321, 2007.
- [32] CNUFADN, «Recomendaciones de la Comisión Técnica Permanente (CTP) de la Comisión Nacional para el Uso Forense del ADN, sobre valoración de coincidencias mediante el empleo de STR de cromosoma Y,» 11 diciembre 2023. [En línea]. Available: https://www.mjusticia.gob.es/es/ElMinisterio/OrganismosMinisterio/Documents/Evaluacio%CC%81n%20estadi%CC%81stica%20CrY_aprobado%20el%20PLENO_111223.pdf.
- [33] L. Gusmão, J. Butler, A. Carracedo y P. Gill, «ISFG: An update of the recommendations on the use of Y-STRs in forensic anlysis.,» *Forensic Science International. V. 157.*, pp. Issues 2–3. P. 187-197., 2005.
- [34] W. Parson y H. Bandelt, «Extendes guidelines for mtDNA Typing of population data in forensic science,» *Forensic Science International. Genetics* 1 (1), pp. pp. 13-19, 2007.
- [35] A. Brandstätter, H. Niederstätter, M. Pavlic, P. Grubwieser y W. Parson, «Generating population data for the EMPOP database-An overview of the mtDNA sequencing and data evaluation processes considering 273 Austrian control region sequences,» 2007. [En línea]. Available: <https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2006.05.006>.
- [36] M. Crespillo, E. López y A. Alonso, «Organización y funcionamiento de la base de datos de ADN de interés criminal en España.,» 2020. [En línea]. Available: <https://www.elsevier.es/es-revista-revista-espanola-medicina-legal-285-linkresolver-organizacion-funcionamiento-base-datos-adn-S0377473219300732>.
- [37] Gobierno de España, «BOE 233,» 2000. [En línea]. Available: <https://www.boe.es/buscar/doc.php?id=BOE-A-2000-17490>.
- [38] Gobierno de España, «Orden INT/177/2008, de 23 de enero.,» 2008. [En línea]. Available: <https://www.boe.es/buscar/doc.php?id=BOE-A-2008-1868>.

- [39] Gobierno de España, «Ley Orgánica 10/2007, de 8 de octubre.,» 2007. [En línea]. Available: <https://www.boe.es/buscar/act.php?id=BOE-A-2007-17634>.
- [40] Gobierno de España, «Orden INT/1202/2011, de 4 de mayo.,» 2011. [En línea]. Available: <https://www.boe.es/buscar/doc.php?id=BOE-A-2011-8382>.
- [41] Gobierno de España. Ministerio del Interior, «Memoria de base de datos policial de identificadores obtenidos a partir del ADN,» 2024. [En línea]. Available: [tps://www.interior.gob.es/opencms/pdf/archivos-y-documentacion/documentacion-y-publicaciones/publicaciones-descargables/publicaciones-periodicas/Base-de-datos-policial-de-identificadores-obtenidos-a-partir-de-ADN.-Memoria/BD-ADN_2024_126200173_pdfWEB.pdf](https://www.interior.gob.es/opencms/pdf/archivos-y-documentacion/documentacion-y-publicaciones/publicaciones-descargables/publicaciones-periodicas/Base-de-datos-policial-de-identificadores-obtenidos-a-partir-de-ADN.-Memoria/BD-ADN_2024_126200173_pdfWEB.pdf).
- [42] Parlamento Europeo, «Directiva (UE) 2016/680,» 2016. [En línea]. Available: <https://eur-lex.europa.eu/legal-content/ES/TXT/?uri=celex%3A32016L0680>.
- [43] Gobierno de España, 2021. [En línea]. Available: <https://www.boe.es/buscar/act.php?id=BOE-A-2021-8806>.
- [44] E. L. Reyes, «Busqueda nacional e internacional en Base de Datos de ADN,» 2016. [En línea]. Available: <https://www.fiscal.es/documents/20142/99892/Ponencia+L%C3%B3pez+Reyes+Eusebio.pdf/56981630-37d1-5522-789c-0b20198b756d>.
- [45] National Human Genome Research Institute, «Herencia mendeliana.,» 2025. [En línea]. Available: <https://www.genome.gov/es/genetics-glossary/Herencia-mendeliana>.
- [46] O. C. Group, 2023. [En línea]. Available: <https://www.opconsultinggroup.com/post/how-to-prioritize-projects-a-complete-guide-using-gartner-s-run-grow-transform-rgt-model>.
- [47] G. Research, 2016. [En línea]. Available: <https://www.gartner.com/en/documents/3357425>.
- [48] Gobierno de España. Ministerio del Interior., «Memoria de base de datos policial de identificadores obtenidos a partir del ADN (Publicación NIPO 126-19-053-9),» 2024. [En línea]. Available: [tps://www.interior.gob.es/opencms/pdf/archivos-y-documentacion/documentacion-y-publicaciones/publicaciones-descargables/publicaciones-periodicas/Base-de-datos-policial-de-identificadores-obtenidos-a-partir-de-ADN.-Memoria/BD-ADN_2024_126200173_pdfWEB.pdf](https://www.interior.gob.es/opencms/pdf/archivos-y-documentacion/documentacion-y-publicaciones/publicaciones-descargables/publicaciones-periodicas/Base-de-datos-policial-de-identificadores-obtenidos-a-partir-de-ADN.-Memoria/BD-ADN_2024_126200173_pdfWEB.pdf).

ANEXO I: LISTADOS DE HOJAS EXCEL CON DATOS ANTE-MORTEN

Este primer anexo tiene como objetivo presentar los listados de hojas Excel remitidos a cada una de las instituciones con los datos correspondientes a los familiares buscadores (información ante-mortem), para llevar a cabo las configuraciones adecuadas de los *Pedigree Tree*.

Institución	Spec ID	Specimen Category	Y-STR	MITO	Familiares	Sexo
cnp	DVI-10-MB2/3	Biological Mother Hannah Badger (separada) busca a su hija Anna Abbot	no	si	Hannah Badger	Femenino
cnp	DVI-7-4-370/625	Biological Mother Kara Baker busca a su hija Sara Baker	no	si	Kara Baker	Femenino
cnp	DVI-41-FB2/4	Biological Father Miki Izanami busca a dos hijos, Saki y Abe Izanami	no	no	Miki Izanami	Masculino
cnp	DVI-39-GU1	Paternal Relative Olaf Berglund busca a su sobrina política Irene Berglund y al hijo de esta Kent Berglund (sobrino nieto)	si	no	Olaf Berglund	Masculino
cnp	DVI-11-8-350/932	Biological Child / Biological Sibling Matthew Lynde busca a sus padres Gilbert y Anne Lynde, y hermano Westley Lynde	no	si	Matthew Lynde	Masculino
cnp	DVI-31-MB2/3/4FS1	Biological Mother / Biological Sibling Edie Valade busca a dos hijas Susan Valade y Bree Cherry (hermanastras), y a su hermana Gabrielle Wisteria	no	si	Edie Valade	Femenino
cnp	DVI-34-BD1/2FS4HS3	Biological Child	no	si	Mira Dion	Femenino
cnp	DVI-34-FS3BS1HS4	Biological Child Mira Dion y Ziggy Bogdan (hermanastros) buscan a su madre Jenica Dion	no	si	Ziggy Bogdan	Masculino
cnp	DVI-9-GM1	Paternal Relative	no	no	Beata Grolsch	Femenino
cnp	DVI-9-GF1	Paternal Relative Beata Grolsch y Lars Grolsch buscan a su nieto (paterno) Bojrn Grolsh	si	no	Lars Grolsch	Masculino
cnp	DVI-18-AU1	Maternal Relative	no	si	Dana Fischer	Femenino
cnp	DVI-18-GM1	Maternal Relative Dana Fischer y Jocelyn Fischer, buscan a su sobrino y nieto (materno) respectivamente Philippe Kronenburg	no	si	Jocelyn Fischer	Femenino
cnp	DVI-51-FS1	Biological Sibling Doug Mackenzie busca su hermano Bob Mackenzie	si	no	Doug Mackenzie	Masculino
cnp	DVI-49-FB1	Biological Father	no	no	Levar Mellencamp	Masculino
cnp	DVI-49-FS1	Biological Sibling Levar Mellencamp y Liberty Mellencamp buscan a su hija y hermana respectivamente Sienna Mellencamp	no	no	Liberty Mellencamp	Femenino
cnp	DVI-30-AU1	Maternal Relative Natalie O'Haras busca a su sobrina (materna) Agneis Murphy	no	si	Natalie O'Haras	Femenino
cnp	DVI-2-3-160/140	Maternal Relative Emily Sherman busca a su hija Lorella Stars y nieta Rory Stars	no	si	Emily Sherman	Femenino
cnp	DVI-16-11-580/1415	Paternal Relative Roland Sleeman busca a su nieto (paterno) Blake Sleeman	si	no	Roland Sleeman	Masculino

Figura 16. Hoja Excel remitida a Policía Nacional con la información vinculada a los datos ante mortem de los familiares de referencia. La misma información remitida a Guardia Civil en el ejercicio duplicado *DVI-II* (elaboración propia).

Institución	Spec ID	Specimen Category	Y-STR	MITO	Familiares	Sexo
ert	DVI-28-FB1/4GF3/6	Biological Father Gordon Lemons busca a su hijo Lance Lemons	si	no	Gordon Lemons	Masculino
ert	DVI-41-FB1/3	Biological Father Harold Beal busca sus hijo Ryan Beal y a su hija Marie Beal	no	no	Harold Beal	Masculino
ert	DVI-17-1-610/1480	Biological Mother Anya Slayer busca a sus hijas Sarah y Willow Slayer y a su hijo Xander Slayer	no	si	Anya Slayer	Femenino
ert	DVI-27-BD1	Biological Child Winona Boddington busca a su padre Ruben Boddington	no	no	Winona Boddington	Femenino
ert	DVI-11-FB1/2	Biological Father	no	no	Neil Brown	Masculino
ert	DVI-11-MB1/2AU3/4	Biological Mother Neil y Tamara Brown, buscan a sus hijas Vicky y Denise Brown	no	no	Tamara Brown	Femenino
ert	DVI-7-MB1/2/3	Biological Mother	no	no	Allison Craussen	Femenino
ert	DVI-7-FB1/2/3	Biological Father Allison y Gary Craussen buscan a sus hijas Danielle y Jessica Craussen y a su hijo Adrew Craussen	no	no	Gary Craussen	Masculino
ert	DVI-26-MB3	Biological Mother / Spouse Mary Eaton busca a su marido Anthony Eaton y a su hijo Paul Eaton	no	no	Mary Eaton	Femenino
ert	DVI-42-FS2CO3	Biological Sibling Arthur Teal, busca a su hermana Natasha Teal	no	si	Arthur Teal	Masculino
ert	DVI-3-BD1	Biological Child Marique Moretti busca a su madre Angela Moretti	no	no	Marique Moretti	Femenino
ert	DVI-35-FB2	Biological Father	no	no	Eli Peyton	Masculino
ert	DVI-35-MB2AU1	Biological Mother Eli Peyton y Oxana Peyton buscan a su hijo Nick Peyton	no	no	Oxana Peyton	Femenino
ert	DVI-35-MB1	Biological Mother Silken Moss busca a su hijo Brody Moss	no	no	Silken Moss	Femenino
ert	DVI-21-FB1	Biological Father John Coventry busca a su hijo Will Coventry	si	no	Jhon Coventry	Masculino
ert	DVI-21-FB2	Biological Father	si	no	Daniel Ogilvie	Masculino
ert	DVI-21-MB2	Biological Mother Daniel y Jill Ogilvie buscan a su hijo Jack Ogilvie	no	no	Jack Ogilvie	Femenino
ert	DVI-18-4-605/1550	Biological Mother	no	si	Isabelle Zambon	Femenino
ert	DVI-16-FB3/4	Biological Father Samy Rousse e Isabelle Zambon (separados) buscan a sus hijos Fred Rousse y Stephane Rousse	no	no	Samy Rousse	Masculino

Figura 17. Hoja Excel remitida a Ertzaintza con la información vinculada a los datos ante mortem de los familiares de referencia. La misma información remitida a Policía Foral en el ejercicio duplicado *DVI-II* (elaboración propia).

Institución	Spec ID	Specimen Category	Y-STR	MITO	Familiares	Sexo
mossos	DVI-58-FB1	Biological Father Damien Aimson busca a su hija Carrie Aimson	no	no	Damien Aimson	Masculino
mossos	DVI-20-6-479/1718	Biological Father	si	no	Duncan Bate	Masculino
mossos	DVI-45-MB2	Biological Mother Duncan Bate y Bianca Bate buscan a su hijo Gregory Bate	no	no	Bianca Bate	Femenino
mossos	DVI-17-GU1/2	Paternal Relative Val Beatnik busca a dos sobrinos nietos (paternos), River Beatnik (varón) y Summer Beatnik (mujer)	si	no	Val Beatnik	Masculino
mossos	DVI-33-FB6/7/8	Biological Father Kevin Gables busca a su mujer Marilla Blithe (separados) y tres hijas Ruby, Diana y Josie Gables	no	no	Kevin Gables	Masculino
mossos	DVI-19-9-640/1644	Biological Mother	no	no	Tabitha Booth	Femenino
mossos	DVI-17-11-562/1508	Biological Sibling Tabitha Booth y Liv Booth, buscan a su hijo y hermano Wayne Booth	no	no	Liv Booth	Femenino
mossos	DVI-36-AU1FS2	Maternal Relative	no	si	Lola Coleman	Femenino
mossos	DVI-36-MB2GM1	Maternal Relative Lola Coleman y Heidi Coleman buscan a su sobrina y nieta (materna) Chloe Samsung	no	si	Heidi Coleman	Femenino
mossos	DVI-12-BD1FS2	Biological Sibling Carly Guinness busca a su hermana Cynrintha Guinness	no	si	Carly Guinness	Femenino
mossos	DVI-42-FS3CO2	Biological Sibling Ike Ragina, busca a su hermana Lynn Ragina	no	si	Ike Ragina	Masculino
mossos	DVI-DVI-FS1/3AU	Biological Sibling Bonnie Marsden busca a su hermano Zachary Marsden y sobrino Maxwell Marsden	no	si	Bonnie Marsden	Femenino
mossos	DVI-38-FS1HS2	Biological Sibling Cordelia MacCulloch busca a su hermana Dallas McCulloch	no	si	Cordelia McCulloch	Femenino
mossos	DVI-25-GD1/2	Maternal Relative Iris Wellington busca a sus abuelos (maternos), Violet y Joseph Montgomery	no	si	Iris Wellington	Femenino
mossos	DVI-1-FB1	Biological Father Jonas Muller, busca a su hija Johanna Muller	no	no	Jonas Muller	Masculino
mossos	DVI-4-MB1	Biological Mother / Spouse	no	no	Paula Powell	Femenino
mossos	DVI-4-BD2S1	Biological Child / BS Paula Powell busca a su hijo Clay Powell y marido Simon Powell. Kelly Powell a su padre/hermano	no	no	Kelly Powell	Femenino

Figura 18. Hoja Excel remitida a Mossos con la información vinculada a los datos ante mortem de los familiares de referencia. La misma información es remitida a Toxicología en el ejercicio duplicado *DVI-II* (elaboración propia).

ANEXO II: LISTADOS DE HOJAS EXCEL CON DATOS POST-MORTEN

Este segundo anexo tiene como objetivo presentar los listados de hojas Excel remitidos a cada una de las instituciones con los datos correspondientes a los cadáveres aparecidos en la catástrofe (información post-mortem), para llevar a cabo las configuraciones adecuadas de los *Pedigree Tree*.

Institución	Spec ID	Specimen Category	Y-STR	MITO	Sexo
cnp	DVI-14-8-370/1255	Unidentified Person	no	no	Femenino
cnp	DVI-1-3-182/65	Unidentified Person	no	si	Femenino
cnp	DVI-3-3-238/200	Unidentified Person	si	si	Masculino
cnp	DVI-17-6-605/1472	Unidentified Person	no	si	Femenino
cnp	DVI-17-7p-612/1472	Unidentified Person Desmembrado	no	si	Masculino
cnp	DVI-10-7-370/875	Unidentified Person	no	si	Femenino
cnp	DVI-11-10-328/902	Unidentified Person	no	si	Femenino
cnp	DVI-4-4-255/335	Unidentified Person	no	no	Masculino
cnp	DVI-20-7p-524/1729	Unidentified Person Desmembrado	no	no	Masculino
cnp	DVI-20-8p-612/1725	Unidentified Person Desmembrado	no	no	Masculino
cnp	DVI-11-2-400/930	Unidentified Person	no	no	Femenino
cnp	DVI-13-4-515/1130	Unidentified Person	no	no	Femenino
cnp	DVI-13-7-490/1082	Unidentified Person	no	no	Femenino
cnp	DVI-8-2-390/715	Unidentified Person	no	no	Masculino
cnp	DVI-3-13-212/204	Unidentified Person	no	si	Femenino
cnp	DVI-10-9-460/860	Unidentified Person	si	si	Masculino
cnp	DVI-5-1-328/370	Unidentified Person	no	si	Femenino
cnp	DVI-12-10-499/1055	Unidentified Person	no	no	Masculino
cnp	DVI-15-9p-454/1335	Unidentified Person Desmembrado	si	no	Masculino
cnp	DVI-15-4-455/1340	Unidentified Person	si	no	Masculino
cnp	DVI-3-5-165/190	Unidentified Person	si	no	Masculino

Institución	Spec ID	Specimen Category	Y-STR	MITO	Sexo
cnp	DVI-18-11-635/1595	Unidentified Person	no	si	Masculino
cnp	DVI-10-8p-390/895	Unidentified Person Desmembrado	no	no	Masculino
cnp	DVI-11-1p-380/935	Unidentified Person Desmembrado	no	no	Masculino

Figura 19. Hoja Excel remitida a Policía Nacional vinculada con los datos post mortem. La misma información es remitida a Guardia Civil en el ejercicio duplicado *DVI-II* (elaboración propia).

Institución	Spec ID	Specimen Category	Y-STR	MITO	Sexo
ert	DVI-9-7-416/750	Unidentified Person	no	si	Femenino
ert	DVI-7-9-375/605	Unidentified Person	no	si	Femenino
ert	DVI-19-6-483/1649	Unidentified Person	si	no	Masculino
ert	DVI-18-9-582/1610	Unidentified Person	no	no	Masculino
ert	DVI-18-12-626/1584	Unidentified Person	no	no	Masculino
ert	DVI-2-9-190/105	Unidentified Person	si	si	Masculino
ert	DVI-3-4-230/210	Unidentified Person	no	si	Femenino
ert	DVI-10-5-365/870	Unidentified Person	no	si	Femenino
ert	DVI-10-4-330/890	Unidentified Person	no	si	Femenino
ert	DVI-11-4-355/958	Unidentified Person	no	no	Masculino
ert	DVI-19-10p-636/1654	Unidentified Person	no	no	Masculino
ert	DVI-7-10-325/565	Unidentified Person	no	si	Femenino
ert	DVI-5-9-250/435	Unidentified Person	no	si	Femenino
ert	DVI-16-3-405/1375	Unidentified Person	no	si	Femenino
ert	DVI-12-1-490/1075	Unidentified Person	no	si	Femenino
ert	DVI-5-6-250/385	Unidentified Person	si	no	Masculino
ert	DVI-11-12-372/901	Unidentified Person	si	no	Masculino
ert	DVI-10-10-463/858	Unidentified Person	si	no	Masculino
ert	DVI-4-11-100/348	Unidentified Person	no	si	Femenino
ert	DVI-4-2-325/295	Unidentified Person	no	no	Masculino
ert	DVI-6-5-345/481	Unidentified Person	no	no	Femenino
ert	DVI-3-8-155/195	Unidentified Person	si	no	Masculino

Institución	Spec ID	Specimen Category	Y-STR	MITO	Sexo
ert	DVI-11-3p-385/925	Unidentified Person	no	no	Masculino
ert	DVI-2-7-170/141	Unidentified Person	no	si	Femenino

Figura 20. Hoja Excel remitida a Ertzaintza vinculada con los datos post mortem. La misma información es remitida a Policía Foral en el ejercicio duplicado *DVI-II* (elaboración propia).

Institución	Spec ID	Specimen Category	Y-STR	MITO	Sexo
mossos	DVI-4-5-310/360	Unidentified Person	si	si	Masculino
mossos	DVI-18-10-622/1566	Unidentified Person	no	no	Masculino
mossos	DVI-18-8-585/1605	Unidentified Person	no	no	Femenino
mossos	DVI-17-5-605/1480	Unidentified Person	no	si	Femenino
mossos	DVI-17-9p-609/1468	Unidentified Person	no	si	Masculino
		Desmembrado			
mossos	DVI-11-6-360/970	Unidentified Person	no	si	Femenino
mossos	DVI-11-9-330/933	Unidentified Person	no	si	Masculino
mossos	DVI-11-5-395/925	Unidentified Person	no	no	Femenino
mossos	DVI-7-12-340/580	Unidentified Person	no	si	Femenino
mossos	DVI-7-11-350/580	Unidentified Person	no	si	Femenino
mossos	DVI-13-5-512/1140	Unidentified Person	no	no	Masculino
mossos	DVI-9-1-388/735	Unidentified Person	no	no	Masculino
mossos	DVI-5-4-260/405	Unidentified Person	no	si	Masculino
mossos	DVI-3-11-212/199	Unidentified Person	no	si	Femenino
mossos	DVI-8-10p-355/662	Unidentified Person	no	no	Femenino
		Desmembrado			
mossos	DVI-8-9p-358/660	Unidentified Person	no	no	Femenino
		Desmembrado			
mossos	DVI-4-3-215/350	Unidentified Person	no	no	Femenino
mossos	DVI-12-11-512/1055	Unidentified Person	no	no	Masculino
mossos	DVI-12-7-500/1060	Unidentified Person	no	si	Femenino
mossos	DVI-15-1p-449/1330	Unidentified Person	si	no	Masculino
		Desmembrado			
mossos	DVI-18-1-620/1580	Unidentified Person	no	si	Masculino
mossos	DVI-2-10-155/145	Unidentified Person	no	si	Femenino

Institución	Spec ID	Specimen Category	Y-STR	MITO	Sexo
mossos	DVI-16-12-598/1404	Unidentified Person	si	no	Maculino

Figura 21. Hoja Excel remitida a Mossos vinculada con los datos post mortem. La misma información es remitida a Toxicología en el ejercicio duplicado *DVI-II* (elaboración propia).

ANEXO III: CONFECCIÓN DE *PT* Y RESULTADOS

1. Anotaciones

Debido al software utilizado en desarrollo de los perfiles ficticios (*Pedigree Generator*) y que cuentan con un máximo de 13 *STR's*, en algunos supuestos no se consigue un umbral mínimo necesario para considerar la identificación probada según las recomendaciones internacionales. No obstante, teniendo en cuenta que se trata de una catástrofe cerrada y que en una situación real el número de marcadores sería muy superior, para el ejercicio se considera como válido (ID Confirmed) el mayor de los resultados estadísticos obtenidos en los candidatos ofertados por *CODIS*.

Es esencial comprobar con relación a los familiares buscadores según la confección del *PT* y el parentesco de búsqueda, que estos cuentan con todas las técnicas de análisis oportunas (*STR's* Autosómicos, Haplotipo del *CR-Y* y *ADNmt*). En algún perfil del ejercicio de manera “no accidental”, se había omitido la inclusión de alguna técnica necesaria, lo que suponía que la BD no mostrara los candidatos oportunos.

Cuando un mismo familiar busca a diferentes cadáveres con distintos grados de parentesco, es importante desarrollar diferentes *PT* por Categoría Missing Person (*MP*) o Categoría Single Typed Note (*STN*), con la finalidad de que los resultados ofertados sean los oportunos y esperados.

En los cadáveres desmembrados simulando la existencia de muestras en mal estado, se habían incluido pérdidas alélicas. Esto que supone que con algunos *PT* configurados no se oferten a los cadáveres oportunos. El planteamiento para vincular esos cadáveres consiste en lanzar búsquedas en *HIGH* entre todos ellos, e incluso configurar un *PT* en *STN* con los propios perfiles de cadáveres simulando la búsqueda de un hermano, para de esta forma identificar aquellos perfiles que cuenten con pérdidas alélicas.

En las siguientes páginas aparecen las siguientes figuras definidas para cada grupo familiar y que son de elaboración propia:

- La compatibilidad generada en *CODIS* en la búsqueda utilizando el Módulo *PT* con los *STR's* correspondientes a los perfiles implicados.
- El cálculo estadístico reportado en el *JPLR*, *mtDNA LR*, *Y-STR LR* y el *Combined LR*, siempre que las diferentes técnicas hayan sido analizadas en los perfiles evaluados y estas hayan superado los umbrales establecidos.
- En caso de haberse generado alguna compatibilidad fortuita, se incluye el Código del Identificador del perfil señalando en rojo junto con el valor estadístico reportado para todas las técnicas evaluadas.

2. Confección de *PT* y Resultados Esperados

1. Hannah Badger (separada) busca a su hija Anna Abbot (*DVI-10-MB2/3* vs *DVI-9-7-416/750*)

Configurar un *MP* con la búsqueda de una madre a su hija.

STR		
mtDNA Y-STR		
Locus	Target DVI-I-10-MB2/3 ESSP28043 Biological Mother	Candidate ERTUPC DVI-I-9-7-416/750 Unidentified Person 3.16E+04
D8S1179	10, 13	13, 14
D21S11	31, 32.2	29, 32.2
D7S820	11, 12	11
CSF1PO	10	8, 10
D3S1358	16, 18	17, 18
TH01	7	7, 9
D13S317	10, 13	10, 13
D16S539	9, 12	9, 11
vWA	15, 16	15, 19
TPOX	8, 11	8, 11
D18S51	14, 19	14, 18
Amelogenin	X	X
D5S818	10, 12	7, 12
FGA	19, 20	19

JPLR	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
3.16E+004	ERTUPC	DVI-I-9-7-416/750	Unidentified...	CADAVERE...	1.87E+003		5.89E+007

2. Kara Baker busca a su hija Sara Baker (*DVI-7-4-370/625* vs *DVI-7-9-375/605*)

Configurar un *MP* con la búsqueda de una madre a su hija.

La BD oferta dos candidatos con un *CPLR* muy elevado, pero uno de ellos se descartaría por el sexo del candidato (también presenta un marcador no compatible). Importante la evaluación de los metadatos.

STR		
mtDNA Y-STR		
Locus	Target DVI-I-7-4-370/625 ESSP28043 Biological Mother	Candidate ERTUPC DVI-I-7-9-375/605 Unidentified Person 7.11E+04
D8S1179	13, 14	12, 14
D21S11	32.2, 34.2	30, 32.2
D7S820	8, 10	8
CSF1PO	11, 14	10, 11
D3S1358	15, 16	15, 17
TH01	7, 8	8, 9.3
D13S317	8, 9	8, 13
D16S539	11, 12	12, 13
vWA	14, 17	14, 17
TPOX	8	8
D18S51	14, 17	16, 17
Amelogenin	X	X
D5S818	7, 10	7, 12
FGA	21, 24	19, 24

JPLR	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
7.11E+004	ERTUPC	DVI-I-7-9-375/605	Unidentified...	CADAVERE...	2.74E+003		1.95E+008

Candidates UHR	JPLR	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
DVI-4-5-310/360	4,02E+04	2,74E+03		1,10E+08

3. Miki Izanami busca a dos hijos, Saki y Abe Izanami (DVI-41-FB2/4 vs DVI-18-9-582/1610 and DVI-18-12-626/1584)

Configurar un *MP* con la búsqueda de un padre a dos hijos.

STR	mtDNA	Y-STR		
Locus	Δ	Target DVI-1-41-FB2/4 ESSP28043 Biological Father	Candidate ERTUPC DVI-1-18-9-582/1610 Unidentified Person 2.19E+07	Candidate ERTUPC DVI-1-18-12-626/1584 Unidentified Person 2.13E+08
► D8S1179		10, 12	10, 14	12, 13
D21S11		29, 32.2	32.2	29, 32.2
D7S820		8, 11	8, 13	11, 13
CSF1PO		11, 12	11, 12	10, 12
D3S1358		14, 15	14, 15	15
TH01		9.3	9.3	6, 9.3
D13S317		9, 10	9, 12	9, 11
D16S539		11, 12	11, 12	11
vWA		15, 18	15, 17	15, 16
TPOX		12	11, 12	8, 12
D18S51		17, 22	13, 22	13, 22
Amelogenin		X, Y	X, Y	X, Y
D5S818		7, 12	12	7, 12
FGA		19, 27	19, 22	19, 27

JPLR	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
2.13E+008	ERTUPC	DVI-1-18-12-626/1584	Unidentified...	CADAVERE...			2.13E+008
2.19E+007	ERTUPC	DVI-1-18-9-582/1610	Unidentified...	CADAVERE...			2.19E+007

4. Olaf Berglund busca a su sobrina política Irene Berglund y al hijo de esta Kent Berglund (sobrino nieto) (DVI-39-GU1 vs DVI-3-3-238/200 and DVI-3-4-230/210)

En primer lugar, es necesario configurar un *STN* para que el tío pueda buscar a su sobrino nieto (hijo de su sobrino), gracias a la información obtenida del haplotipo de *CR-Y*, puesto que la sobrina política no aporta ningún valor a la búsqueda genética.

Una vez tenemos al sobrino nieto compatible, con ese cadáver (cambiando la Categoría del perfil a *Biological Child*) configuramos un *MP* de un hijo que busca a su madre.

A) Búsqueda *STN*

STR	mtDNA	Y-STR
Locus	Target DVI-39-GU1 ESNESTADO Paternal Relative	Candidate ESNESTADO DVI-3-3-238/200 Unidentified Person 8.62E+00
D8S1179	8, 12	12, 14
D21S11	31.2	31.2
D7S820	10, 11	7, 12
CSF1PO	12	10, 12
D3S1358	15, 17	16
TH01	6, 7	9, >11
D13S317	10, 11	9, 11
D16S539	9	9, 11
vWA	15, 19	15, 16
TPOX	11, 12	9, 11
D18S51	17	17
Amelogenin	X, Y	X, Y
D5S818	10, 11	7
FGA	22, 23	19, 22

JPLR	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
8.62E+000	ESNESTADO	DVI-3-3-238/200	Unidentified...	CADAVERE...		2.77E+003	2.39E+004

B) Búsqueda *MP*

STR	mtDNA	Y-STR
Locus	Target DVI-1-3-3-238/200-01 ESSP28043 Biological Child	Candidate ERTUPC DVI-1-3-4-230/210 Unidentified Person 1.83E+08
D8S1179	12, 14	13, 14
D21S11	31.2	31.2, 34.2
D7S820	7, 12	7, 11
CSF1PO	10, 12	10
D3S1358	16	15, 16
TH01	9, 13.3	7, >11
D13S317	9, 11	9
D16S539	9, 11	11, 12
vWA	15, 16	16, 17
TPOX	9, 11	11
D18S51	17	16, 17
Amelogenin	X, Y	X
D5S818	7	7
FGA	19, 22	19, 20

JPLR	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
1.83E+008	ERTUPC	DVI-1-3-4-230/210	Unidentified...	CADAVERE...			1.83E+008

5. Matthew Lynde busca a sus padres Gilbert y Anne Lynde, y hermano Westley Lynde (DVI-11-8-350/932 vs DVI-11-4-355/958 and DVI-11-6-360/970 and DVI-11-9-330/933)

La intención inicial es la de configurar un *MP* con la búsqueda de los tres familiares cadáveres en el mismo *PT*, pero ese planteamiento impide que la BD oferte al hermano biológico.

Por tanto, cuando tenemos a un familiar que está buscando a varias personas emparentadas en diferente grado, es necesario configurar dos *PT*. Uno para *MP* (que permitirá localizar a ambos progenitores - primer grado) y otro en *STN* para localizar al hermano (segundo grado).

A) Búsqueda *MP*

STR	mtDNA	Y-STR	
Locus	Target DVI-I-11-8-350/932 ESSP28043 Biological Child	Candidate ERTUPC DVI-I-11-4-355/958 Unidentified Person 1.83E+12	Candidate MOSSOS DVI-I-11-6-360/970 Unidentified Person 1.99E+04
D8S1179	10, 13	10, 14	13
D21S11	24.2, 30	24.2, 32	30, 31.2
D7S820	8, 10	7, 10	8, 10
CSF1PO	13, 14	10, 14	11, 13
D3S1358	16, 19	15, 19	16
TH01	7, 9.3	8, 9.3	7
D13S317	8, 9, 10	8, 14	9
D16S539	11, 14	9, 14	11
vWA	17, 20	20, 21	17, 19
TPOX	7, 12	7, 13	9, 12
D18S51	10.2, 17	10.2, 23	17, 18
Amelogenin	X, Y	X, Y	X
D5S818	9, 13	9, 15	12, 13
►FGA	25, 26.2	26.2, 29	20, 25

B) Búsqueda *STN*

STR	mtDNA	Y-STR		
Locus	Target DVI-I-11-8-350/932 ESSP28043 Biological Child	Candidate MOSSOS DVI-I-11-6-360/970 Unidentified Person 2.87E+02	Candidate MOSSOS DVI-I-11-9-330/933 Unidentified Person 4.49E+08	Candidate ERTUPC DVI-I-11-4-355/958 Unidentified Person 2.42E+09
D8S1179	10, 13	13	13, 14	10, 14
D21S11	24.2, 30	30, 31.2	24.2, 30	24.2, 32
D7S820	8, 10	8, 10	8, 10	7, 10
CSF1PO	13, 14	11, 13	10, 11	10, 14
D3S1358	16, 19	16	15, 16	15, 19
TH01	7, 9.3	7	7, 8	8, 9.3
D13S317	8, 9, 10	9	9, 14	8, 14
D16S539	11, 14	11	11, 14	9, 14
vWA	17, 20	17, 19	19, 20	20, 21
TPOX	7, 12	9, 12	7, 9	7, 13
D18S51	10.2, 17	17, 18	10.2, 17	10.2, 23
Amelogenin	X, Y	X	X, Y	X, Y
D5S818	9, 13	12, 13	9, 13	9, 15
► FGA	25, 26.2	20, 25	20, 29	26.2, 29

JPLR	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
1.83E+012	ERTUPC	DVI-I-11-4-355/958	Unidentified...	CADAVERE...			1.83E+012
1.99E+004	MOSSOS	DVI-I-11-6-360/970	Unidentified...	CADAVERE...	1.20E+003		2.39E+007

JPLR	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
2.42E+009	ERTUPC	DVI-I-11-4-355/958	Unidentified...	CADAVERE...			2.42E+009
4.49E+008	MOSSOS	DVI-I-11-9-330/933	Unidentified...	CADAVERE...	1.20E+003		5.40E+011
2.87E+002	MOSSOS	DVI-I-11-6-360/970	Unidentified...	CADAVERE...	1.20E+003		3.45E+005

Otra opción es la de configurar directamente un único *PT* por *STN*, pues la BD oferta todos los familiares vinculados (y alguno más que compatible de forma fortuita). Pero siguiendo lo establecido en el manual de trabajo de COMSIGENI, es oportuno configurar ambos *PT* con las búsquedas diferenciadas. Esto permitirá mayor seguridad en las identificaciones al obtener unos valores estadísticos más altos. Se ofertan otros 4 candidatos por Mitocondrial que se descartarían.

Candidates UHR	JPLR	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
DVI-10-4-330/890		1,20E+03		
DVI-10-5-365/870		1,20E+03		
DVI-10-7-370/875		1,20E+03		
DVI-11-10-328/902		1,20E+03		

6. Edie Valade busca a dos hijas Susan Valade y Bree Cherry (hermanastras), y a su hermana Gabrielle Wisteria (DVI-31-MB2/3/4FS1 vs DVI-7-12-340/580 and DVI-7-11-350/580)

Al igual que caso anterior, la intención inicial es la de configurar un *MP* con la búsqueda de los tres familiares cadáveres en el mismo *PT*, y aunque en este caso la BD oferta también como candidata a la hermana, el valor de *CPLR* es muy bajo como para confirmar la Identificación.

Por tanto, cuando tenemos a un familiar que está buscando a varias personas emparentadas en diferente grado, es necesario configurar dos *PT*. Uno para *MP* (que permitirá localizar a ambas hijas - primer grado) y otro en *STN* para localizar a la hermana (segundo grado) y que permite obtener una *CPRL* suficiente como para confirmar la identificación.

A) Búsqueda *MP* (oferta hermana, bajo *CPLR*)

STR	mtDNA	Y-STR			
Locus	Δ	Target DVI-I-31-MB2/3/4FS1 ESSP28043 Biological Mother	Candidate ERTUPC DVI-I-7-10-325/565 Unidentified Person 2.73E+00	Candidate MOSSOS DVI-I-7-12-340/580 Unidentified Person 1.77E+05	Candidate MOSSOS DVI-I-7-11-350/580 Unidentified Person 5.1E+05
D8S1179		11, 14	11, 14	11, 12	11, 13
D21S11		30.2, 31.2	30.2, 31.2	31.2, 34.2	30, 30.2
D7S820		12	12, 13	12	11, 12
CSF1PO		10, 11	12	10	10, 12
D3S1358		16	15, 16	15, 16	16, 17
TH01		6, 7	7, 9	7	6, 7
D13S317		8, 12	8, 12	8, 13	8, 11
D16S539		12	11, 13	12	11, 12
vWA		18, 19	18, 19	16, 19	17, 18
TPOX		8, 12	8, 12	8, 10	9, 12
D18S51		14, 16	14, 17	14, 16	14, 15
Amelogenin		X	X	X	X
D5S818		11	7, 11	9, 11	11
►FGA		21, 24	21, 24	23, 24	24

B) Búsqueda *STN*

STR	mtDNA	Y-STR	
Locus	Δ	Target DVI-I-31-MB2/3/4FS1 ESSP28043 Biological Mother	Candidate ERTUPC DVI-I-7-10-325/565 Unidentified Person 1.32E+06
D8S1179		11, 14	11, 14
D21S11		30.2, 31.2	30.2, 31.2
D7S820		12	12, 13
CSF1PO		10, 11	12
D3S1358		16	15, 16
TH01		6, 7	7, 9
D13S317		8, 12	8, 12
D16S539		12	11, 13
vWA		18, 19	18, 19
TPOX		8, 12	8, 12
D18S51		14, 16	14, 17
Amelogenin	X		X
D5S818		11	7, 11
▶ FGA		21, 24	21, 24

JPLR	▽	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
5.10E+005		MOSSOS	DVI-I-7-11-350/580	Unidentified...	CADAVERE...	1.03E+003		5.26E+008
1.77E+005		MOSSOS	DVI-I-7-12-340/580	Unidentified...	CADAVERE...	1.03E+003		1.83E+008
2.73E+000		ERTUPC	DVI-I-7-10-325/565	Unidentified...	CADAVERE...	1.03E+003		2.82E+003

JPLR	▽	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
1.32E+006		ERTUPC	DVI-I-7-10-325/565	Unidentified...	CADAVERE...	1.03E+003		1.36E+009

Como ocurre en el caso anterior, otra opción es la de configurar directamente un único *PT* por *STN*, pues la BD oferta todos los candidatos, pero siguiendo lo establecido en nuestro manual de COMSIGENI es oportuno configurar ambos *PT* con las búsquedas diferenciadas. Esto permitirá mayor seguridad en las identificaciones, al obtener unos valores estadísticos más altos.

7. Mira Dion y Ziggy Bogdan (hermanastros) buscan a su madre Jenica Dion (DVI-34-BD1/2FS4HS3 and DVI-34-FS3BS1HS4 vs DVI-16-3-405/1375)

Configurar un *MP* con la búsqueda de un hijo e hija a su madre (ellos son hermanastros de distinto padre).

STR	mtDNA	Y-STR	
Locus	Target DVI-I-34-BD1/2FS4HS3 ESSP28043 Biological Child	Target DVI-I-34-FS3BS1HS4 ESSP28043 Biological Child	Candidate ERTUPC DVI-I-16-3-405/1375 Unidentified Person 8.39E+06
D8S1179	13, 14	14, 15	13, 15
D21S11	29, 30	30, 31.2	30
D7S820	9, 10	10, 11	10, 12
CSF1PO	10, 12	10	10, 12
D3S1358	15, 16	16	16
TH01	7	6, 7	7
D13S317	11, 13	11, 12	11, 13
D16S539	9, 12	11, 12	9, 12
vWA	16, 18	16, 18	16
TPOX	9, 11	11, 12	9, 11
D18S51	17, 18	17	17, 19
Amelogenin	X	X, Y	X
D5S818	11, 12	11, 13	11
FGA	19	19, 20	19, 20

JPLR	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
8.39E+006	ERTUPC	DVI-I-16-3-405/1375	Unidentified...	CADAVERE...	8.10E+002		6.80E+009

8. Beata Grolsch y Lars Grolsch buscan a su nieto (paterno) Bojrn Grolsh (DVI-9-GM1 and DVI-9-GF1 vs DVI-5-6-250/385)

Configurar un *STN* de los abuelos que buscan a un nieto.

STR	mtDNA	Y-STR			
Locus	Δ	Target DVI-II-9-GF1 ESADN8003 Paternal Relative	Target DVI-II-9-GM1 ESADN8003 Paternal Relative	Candidate ESPF31006 DVI-II-5-6-250/385 Unidentified Person 3.08E+03	
► D8S1179		10, 13	13, 17	12, 17	
D21S11		29, 30.2	30, 33.2	29, 33.2	
D7S820		10, 11	10, 11	10, 12	
CSF1PO		10, 12	11, 12	11, 12	
D3S1358		15, 16	13, 18	15, 16	
TH01		7	6, 9.3	7, 8	
D13S317		11, 12	9, 12	9, 13	
D16S539		11, 12	12, 13	13	
vWA		17, 19	14, 15	19, 20	
TPOX		8, 11	8, 10	7, 8	
D18S51		12, 15	14	12, 19	
Amelogenin		X, Y	X	X, Y	
D5S818		10, 11	11, 12	10, 12	
FGA		22, 24	23, 25	23, 25	

JPLR	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
3.08E+003	ERTUPC	DVI-I-5-6-250/385	Unidentified...	CADAVERE...		2.77E+003	8.55E+006

9. Dana Fischer y Jocelyn Fischer, buscan a su sobrino y nieto (materno) respectivamente Philipe Kronenburg (DVI-18-AU1 and DVI-18-GM1 vs DVI-5-4-260/405)

Configurar un *STN* de una tía y una abuela (materna) que buscan a sobrino y nieto respectivamente. *CPLR* bajo, pero es una catástrofe cerrada y familiares poco idóneos.

STR	mtDNA	Y-STR		
Locus	Δ	Target DVI-I-18-GM1 ESSP28043 Maternal Relative	Target DVI-I-18-AU1 ESSP28043 Maternal Relative	Candidate MOSSOS DVI-I-5-4-260/405 Unidentified Person 3.14E+00
D8S1179		14, 16	15, 16	13, 15
D21S11		29, 34	29, 30	30, 33.2
D7S820		11	9, 11	9, 11
CSF1PO		14, 15	12, 14	10, 12
► D3S1358		18	17, 18	15, 18
TH01		6, 9.3	6, 7	8, 9.3
D13S317		10, 15	11, 15	11
D16S539		10, 13	11, 13	9, 11
vWA		16, 19	15, 19	19
TPOX		9, 11	8, 9	10, 12
D18S51		14, 21	14, 19	15, 16
Amelogenin	X		X	X, Y
D5S818		8, 11	11, 13	10, 11
FGA		24, 26	19, 24	23, 26

JPLR	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
3.14E+000	MOSSOS	DVI-I-5-4-260/405	Unidentified...	CADAVERE...	1.87E+003		5.86E+003

10. Doug Mackenzie busca su hermano Bob Mackenzie (DVI-51-FS1 vs DVI-11-12-372/901)

Configurar un *STN* para buscar a un hermano.

STR	mtDNA	Y-STR
Locus	Target DVI-II-51-FS1 ESADN8003 Biological Sibling	Candidate ESPF31006 DVI-II-11-12-372/901 Unidentified Person 9.88E+05
D8S1179	12, 14	12, 13
D21S11	30, 31.2	28, 31.2
D7S820	10, 12	10, 11
CSF1PO	10, 12	10, 12
D3S1358	8.3, 15	8.3, 16
TH01	7, 9.3	6, 8
D13S317	8, 12	8, 12
D16S539	10, 12	10, 12
vWA	16, 17	17, 18
TPOX	8, 12	8, 12
D18S51	13, 15	13, 15
Amelogenin	X, Y	X, Y
D5S818	11, 13	11, 13
FGA	20, 24	24

JPLR	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
9.88E+005	ESPF31006	DVI-II-11-12-372/901	Unidentified...	CADAVERE...		2.77E+003	2.74E+009

11. Levar Mellencamp y Liberty Mellencamp buscan a su hija y hermana respectivamente Sienna Mellencamp (*DVI-49-FB1 and DVI-49-FS1 vs DVI-8-10p-355/662 and DVI-8-9p-358/660*)

Configurar un *MP* del padre y hermana buscando a hija/hermana respectivamente.

STR	mtDNA	Y-STR			
Locus	Δ	Target DVI-I-49-FB1 ESSP28043 Biological Father	Target DVI-I-49-FS1 ESSP28043 Biological Sibling	Candidate MOSSOS DVI-I-8-10P-355/662 Unidentified Person 1.47E+08	Candidate MOSSOS DVI-I-8-9P-358/660 Unidentified Person 1.47E+08
D8S1179		13, 14	13	13, 14	13, 14
D21S11		29	29	29	29
D7S820		8, 10	10	10	10
CSF1PO		11, 12	9, 11	11, 12	11, 12
D3S1358		16	16	15, 16	15, 16
TH01		8	7, 8	8, 9, 3	8, 9, 3
D13S317		9	9, 13	9, 13	9, 13
D16S539		12, 13	11, 12	12, 13	12, 13
vWA		14, 19	14, 19	17, 19	17, 19
TPOX		8	8, 11	8, 11	8, 11
D18S51		15, 21	15, 21	15, 21	15, 21
Amelogenin		X, Y	X	X	X
D5S818		11	11, 12	11, 12	11, 12
► FGA		21, 23	21, 22	21, 23	21, 23

JPLR	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
1.47E+008	MOSSOS	DVI-I-8-9P-358/660	Unidentified...	CADAVERE...			1.47E+008
1.47E+008	MOSSOS	DVI-I-8-10P-355/662	Unidentified...	CADAVERE...			1.47E+008

12. Natalie O'Haras busca a su sobrina (materna) Agneis Murphy (*DVI-30-AU1 vs DVI-12-7-500/1060*)

Configurar un *STN* de la búsqueda tía/sobrina. Compatibles otros perfiles con menor *CPLR* que no cuentan con Mitocondrial.

STR	mtDNA	Y-STR
Locus	Target DVI-I-30-AU1 ESSP28043 Maternal Relative	Candidate MOSSOS DVI-I-12-7-500/1060 Unidentified Person 9.3E+02
D8S1179	11, 15	13, 14
D21S11	30, 32.2	28, 30.2
D7S820	9, 12	8, 10
CSF1PO	9, 12	9, 12
D3S1358	15	14, 16
TH01	7, 9, 3	7
D13S317	11, 12	10, 12
D16S539	10, 11	10, 11
vWA	17, 18	18, 19
TPOX	8, 12	11, 12
D18S51	15, 16	15, 17
Amelogenin	X	X
D5S818	7, 11	7, 11
FGA	24, 25	20, 25

JPLR	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
9.30E+002	MOSSOS	DVI-I-12-7-500/1060	Unidentified...	CADAVERE...	2.04E+002		1.89E+005

Candidates UHR	JPLR	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
DVI-3-5-165/190	3,55E+03	-	-	3,55E+03
DVI-5-1-328/370	1,44E+03	-	-	1,44E+03
DVI-3-8-155/195	7,68E+02	-	-	7,68E+02

13. Emily Sherman busca a su hija Loreila Stars y nieta Rory Stars (DVI-2-3-160/140 vs DVI-2-7-170/141 and DVI-2-10-155/145)

Lo ideal es configurar un *MP* de madre que busca a hija, y con esa hija identificada, crear un nuevo *PT* por *MP* cambiando la Categoría del Perfil a *Biological Mother* para que busque a su hija (nieta de la primera). También es posible configurar un *STN* de la abuela buscando a hija y nieta respectivamente, pero los valores estadísticos disminuyen considerablemente.

A) MP de madre – hija

STR mtDNA Y-STR			
Locus	Target DVI-II-2-3-160/140 ESADN8003 Biological Mother	Candidate ESPF31006 DVI-II-2-7-170/141 Unidentified Person 1.86E+05	
D8S1179	14, 15	11, 15	
D21S11	32.2, 34.2	31.2, 34.2	
D7S820	10, 11	9, 10	
CSF1PO	10, 12	9, 12	
D3S1358	15, 18	15, 16	
TH01	7, 9	9	
D13S317	10, 12	10, 11	
D16S539	12	12	
vWA	15, 17	15, 18	
TPOX	8	8	
D18S51	14, 17	14, 18	
Amelogenin	X	X	
D5S818	11	11	
FGA	23, 28	23, 24	

B) STN de abuela – hija – nieta

STR mtDNA Y-STR			
Locus	Target DVI-II-2-3-160/140.1 ESADN8003 Maternal Relative	Candidate INTCZCODIS DVI-II-2-10-155/145 Unidentified Person 7.23E+00	Candidate ESPF31006 DVI-II-2-7-170/141 Unidentified Person 4.21E+03
D8S1179	14, 15	10, 11	11, 15
D21S11	32.2, 34.2	29, 31.2	31.2, 34.2
D7S820	10, 11	9, 11	9, 10
CSF1PO	10, 12	11, 12	9, 12
D3S1358	15, 18	15, 16	15, 16
TH01	7, 9	9	9
D13S317	10, 12	10, 12	10, 11
D16S539	12	12	12
vWA	15, 17	14, 15	15, 18
TPOX	8	8, 12	8
D18S51	14, 17	14, 15	14, 18
Amelogenin	X	X	X
D5S818	11	11, 12	11
FGA	23, 28	24, 25	23, 24

JPLR	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
1.86E+005	ESPF31006	DVI-II-2-7-170/141	Unidentified...	CADAVERE...	2.74E+003		5.10E+008

JPLR	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
4.21E+003	ESPF31006	DVI-II-2-7-170/141	Unidentified...	CADAVERE...	2.74E+003		1.15E+007
7.23E+000	INTCZCODIS	DVI-II-2-10-155/145	Unidentified...	CADAVERE...	2.74E+003		1.98E+004

14. Roland Sleeman busca a su nieto (paterno) Blake Sleeman (DVI-16-11-580/1415 vs DVI-16-12-598/1404)

Se configura un *STN* de abuelo buscando a nieto. *CPLR* bajo, pero es una catástrofe cerrada y familiares poco idóneos.

STR mtDNA Y-STR			
Locus	Target DVI-I-16-11-580/1415 ESSP28043 Paternal Relative	Candidate MOSSOS DVI-I-16-12-598/1404 Unidentified Person 7.64E+00	
D8S1179	11, 12	12, 14	
D21S11	28, 30	28, 31.2	
D7S820	8, 12	11, 12	
CSF1PO	9, 12	10, 12	
D3S1358	16	14, 16	
TH01	6, 9.3	6, 7	
D13S317	9	11, 12	
D16S539	9, 12	9, 11	
vWA	14	16, 18	
TPOX	8, 11	8	
D18S51	12, 14	10, 14	
Amelogenin	X, Y	X, Y	
D5S818	7, 12	11, 12	
FGA	20, 24	21, 24	

JPLR	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
7.64E+000	MOSSOS	DVI-I-16-12-598/1404	Unidentified...	CADAVERE...		2.77E+003	2.12E+004

15. Gordon Lemons busca a su hijo Lance Lemons (DVI-28-FB1/4GF3/6 vs DVI-4-5-310/360)

Se configura un *MP* de padre buscando a hijo. Compatible otro perfil con menor *CPLR*.

STR	mtDNA	Y-STR
Locus	Target DVI-I-28-FB1/4GF3/6 ERTUPC Biological Father	Candidate MOSSOS DVI-I-4-5-310/360 Unidentified Person 3.27E+06
D8S1179	14	13, 14
D21S11	29, 34.2	29, 32.2
D7S820	10, 11	11
CSF1PO	11, 14	12, 14
D3S1358	15, 16	16
TH01	7	7, 8
D13S317	8, 9	9
D16S539	12	11, 12
vWA	17, 18	14, 17
TPOX	8, 9	8
D18S51	15, 17	12, 17
Amelogenin	X, Y	X, Y
D5S818	7, 10	7, 10
FGA	19, 24	21, 24

JPLR	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
3.27E+006	MOSSOS	DVI-I-4-5-310/360	Unidentified...	CADAVERE...		2.77E+003	9.08E+009

Candidates UHR	JPLR	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
DVI-3-13-212/204	2,16E+03	-	-	2,16E+03

16. Harold Beal busca sus hijo Ryan Beal y a su hija Marie Beal (DVI-41-FB1/3 vs DVI-18-10-622/1566 and DVI-18-8-585/1605)

Se configura un *MP* de padre buscando a dos hijos.

STR	mtDNA	Y-STR		
Locus	Δ	Target DVI-I-41-FB1/3 ERTUPC Biological Father	Candidate MOSSOS DVI-I-18-8-585/1605 Unidentified Person 1.8E+05	Candidate MOSSOS DVI-I-18-10-622/1566 Unidentified Person 1.11E+04
► D8S1179		12	12, 13	12, 13
D21S11		32.2, 33.2	30, 32.2	28, 32.2
D7S820		10, 11	10, 11	10, 12
CSF1PO		10, 12	10, 12	10, 12
D3S1358		16	15, 16	15, 16
TH01		6, 9	7, 9	8, 9
D13S317		11, 12	9, 12	9, 11
D16S539		11	11	9, 11
vWA		15, 19	16, 19	16, 19
TPOX		8, 9	8, 9	8
D18S51		12, 14	12, 15	14, 15
Amelogenin		X, Y	X	X, Y
D5S818		11	11	11
FGA		21, 24	21, 24	21

JPLR	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
1.80E+005	MOSSOS	DVI-I-18-8-585/1605	Unidentified...	CADAVERE...			1.80E+005
1.11E+004	MOSSOS	DVI-I-18-10-622/1566	Unidentified...	CADAVERE...			1.11E+004

17. Anya Slayer busca a sus hijas Sarah y Willow Slayer y a su hijo Xander Slayer (DVI-17-1-610/1480 vs DVI-17-5-605/1480 and DVI-17-6-605/1472 and DVI-17-9p-609/1468 and DVI-17-7p-612/1472)

Se configura un *MP* de madre que busca a dos hijas y un hijo.

STR	mtDNA	Y-STR			
Locus	Target DVI-II-17-1-610/1480 ESPF31006 Biological Mother	Candidate ESADN8003 DVI-II-17-6-605/1472 Unidentified Person 6.02E+06	Candidate ESADN8003 DVI-II-17-7P-612/1472 Unidentified Person 1.65E+07	Candidate INTCZCODIS DVI-II-17-5-605/1480 Unidentified Person 2.45E+07	Candidate INTCZCODIS DVI-II-17-9P-609/1468 Unidentified Person 1.02E+08
► D8S1179	14	14	14	14	14
D21S11	30	30	30, 32.2	30	30, 32.2
D7S820	8, 11	8, 11	8, 12	8, 11	8, 12
CSF1PO	11, 12	11, 12	11	11, 12	11
D3S1358	15, 16	15, 16	15, 16	15, 16	15, 16
TH01	7	6, 7	6, 7	6, 7	6, 7
D13S317	9, 13	9, 13	9, 11	9	9, 11
D16S539	10, 11	10, 12	10, 12	11, 12	10, 12
vWA	14, 19	14, 15	15, 19	14, 18	15, 19
TPOX	8, 12	8, 11	8	8, 12	8, 12
D18S51	14, 16	14, 15	16	16	16
Amelogenin	X	X	X, Y	X	X, Y
D5S818	7, 11	7, 11	7	7, 11	7
FGA	19, 23	19, 22	19, 23	19, 22	19, 23

JPLR	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
1.02E+008	INTCZCODIS	DVI-II-17-9P-609/1468	Unidentified...	CADAVERE...			1.02E+008
2.45E+007	INTCZCODIS	DVI-II-17-5-605/1480	Unidentified...	CADAVERE...			2.45E+007
1.65E+007	ESADN8003	DVI-II-17-7P-612/1472	Unidentified...	CADAVERE...			1.65E+007
6.02E+006	ESADN8003	DVI-II-17-6-605/1472	Unidentified...	CADAVERE...			6.02E+006

18. Winona Boddington busca a su padre Ruben Boddington (DVI-27-BD1 vs DVI-4-4-255/335)

Se configura un *MP* de hija buscando a padre. Compatible otro cadáver con menor *CPLR*.

STR	mtDNA	Y-STR
Locus	Target DVI-I-27-BD1 ERTUPC Biological Child	Candidate ESSP28043 DVI-I-4-4-255/335 Unidentified Person 4.47E+06
D8S1179	12, 14	14
D21S11	32.2	30, 32.2
D7S820	8	8
CSF1PO	10, 12	10, 12
D3S1358	15, 18	16, 18
TH01	9.3	7, 9.3
D13S317	9, 10	9, 10
D16S539	12, 13	9, 13
vWA	15, 16	16, 19
TPOX	11, 12	10, 12
D18S51	12	12, 14
Amelogenin	X	X, Y
D5S818	12, 13	11, 13
FGA	23, 28	23, 28

JPLR	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
4.47E+006	ESSP28043	DVI-I-4-4-255/335	Unidentified...	CADAVERE...			4.47E+006

Candidates UHR	JPLR	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
DVI-I-4-3-215/350	1,03E+05	-	-	1,03E+05

19. Neil y Tamara Brown, buscan a sus hijas Vicky y Denise Brown (DVI-7-MB1/2/3 and DVI-7-FB1/2/3 vs DVI-11-5-395/925 and DVI-11-2-400/930)

Se configura un *MP* de padre y madre buscando a hija.

STR		mtDNA	Y-STR		
Locus	Δ	Target DVI-I-11-FB1/2 ERTUPC Biological Father	Target DVI-I-11-MB1/2AU3/4 ERTUPC Biological Mother	Candidate ESSP28043 DVI-I-11-2-400/930 Unidentified Person 1.49E+12	Candidate MOSSOS DVI-I-11-5-395/925 Unidentified Person 7.83E+12
► D8S1179		14, 15	11, 14	14	14
D21S11		29, 32.2	29, 30	30, 32.2	29, 32.2
D7S820		8, 11	11, 12	8, 11	8, 11
CSF1PO		9, 12	10, 12	9, 12	9, 12
D3S1358		15, 16	14, 16	15, 16	15, 16
TH01		7, 9	9.3	9, 9.3	9, 9.3
D13S317		10, 13	12, 14	10, 14	10, 14
D16S539		11, 12	10, 11	11	11
vWA		17	16, 18	16, 17	17, 18
TPOX		10, 12	11	11, 12	11, 12
D18S51		12, 13	13, 17	13, 17	13
Amelogenin		X, Y	X	X	X
D5S818		9, 13	7, 12	12, 13	12, 13
FGA		22, 26.2	19, 23	23, 26.2	19, 26.2

JPLR	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
7.83E+012	MOSSOS	DVI-I-11-5-395/925	Unidentified...	CADAVERE...			7.83E+012
1.49E+012	ESSP28043	DVI-I-11-2-400/930	Unidentified...	CADAVERE...			1.49E+012

20. Allison y Gary Craussen buscan a sus hijas Danielle y Jessica Craussen y a su hijo Adrew Craussen

Se configura el *MP* con ambos progenitores y el resultado es negativo y no se oferta a ningún candidato. Si realizamos el *MP* únicamente de la madre, nos aparecen los hijos candidatos.

STR	mtDNA	Y-STR				
Locus	Δ	Target DVI-7-MB1/2/3 ESNESTADO Biological Mother	Candidate ESNESTADO DVI-13-5-512/1140 Unidentified Person 7.93E+03	Candidate ESNESTADO DVI-13-7-490/1082 Unidentified Person 3.06E+05	Candidate ESNESTADO DVI-13-4-515/1130 Unidentified Person 2.2E+05	
► D8S1179		15	13, 15	15, 17	15, 17	
D21S11		33.2, 34.2	32.2, 33.2	32.2, 33.2	32.2, 34.2	
D7S820		8, 12	8, 12	8	12	
CSF1PO		11, 12	11, 12	12	11	
D3S1358		15, 16	15	16	15, 16	
TH01		7, 9	6, 9	7, 9	6, 9	
D13S317		9, 11	11, 13	9, 13	9, 13	
D16S539		11	9, 11	9, 11	9, 11	
vWA		14, 17	17, 18	14, 19	17, 18	
TPOX		8, 11	8	8, 12	11, 12	
D18S51		12, 14	12, 17	12, 14	12, 17	
Amelogenin		X	X, Y	X	X	
D5S818		11, 12	7, 12	11, 12	11, 12	
FGA		21, 25	21	20, 25	20, 25	

JPLR	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
3.06E+005	ESNESTADO	DVI-13-7-490/1082	Unidentified...	CADAVERE...			3.06E+005
2.20E+005	ESNESTADO	DVI-13-4-515/1130	Unidentified...	CADAVERE...			2.20E+005
7.93E+003	ESNESTADO	DVI-13-5-512/1140	Unidentified...	CADAVERE...			7.93E+003

Cuando tengamos esta casuística (muestras aportadas por padre y madre), podemos encontrarnos con este supuesto de falso negativo. Es necesario configurar dos *PT* diferentes; un *MP* con ambos progenitores y otro *MP* con la madre únicamente. De esta forma nos aseguramos que la BD no reportar resultados por la ausencia de familiares emparentados, no porque el padre no sea el biológico.

21. Mary Eaton busca a su marido Anthony Eaton y a su hijo Paul Eaton (DVI-26-MB3 vs DVI-9-1-388/735 and DVI-8-2-390/715)

Configuramos un *MP* en el que una mujer busca a marido e hijo. *CODIS* únicamente nos oferta a un candidato (el hijo), puesto que el software no es capaz de vincular el triángulo cuando el *Spouse* es también buscado, pero el *CPLR* es bastante bajo.

Es necesario, una vez encontrado el hijo, configurar un nuevo *PT* en *MP* bien con madre e hijo (este último introduciéndolo con nueva Categoría de Perfil – *Biological Child*), o únicamente utilizando al hijo para poder identificar al padre. Cuantos más familiares compongan el *PT*, mayor será el *CPLR* que nos permitirá confirmar las identificaciones.

A) Búsqueda *MP*

STR	mtDNA	Y-STR
Locus	Target DVI-26-MB3 ESNESTADO Biological Mother	Candidate ESNESTADO DVI-9-1-388/735 Unidentified Person 3.49E+03
D8S1179	14, 15	14, 15
D21S11	30	30
D7S820	10, 11	9, 10
CSF1PO	10, 12	10, 12
D3S1358	15, 16	16, 18
TH01	7, 9.3	7
D13S317	8	8, 12
D16S539	11, 13	11
vWA	14, 17	17, 18
TPOX	8, 12	8
D18S51	12, 15	12, 13
Amelogenin	X	X, Y
D5S818	9, 12	7, 12
FGA	20, 22	20, 22

B) Búsqueda *MP* con Biological Child

STR	mtDNA	Y-STR				
Locus	Δ	Target DVI-II-26-MB3 ESPF31006 Biological Mother	Target DVI-II-9-1-388/735 ESPF31006 Biological Child	Candidate ESADN8003 DVI-II-8-2-390/715 Unidentified Person 3.71E+06	Candidate INTCZCODIS DVI-II-9-1-388/735 Unidentified Person 5.94E+07	
► D8S1179		14, 15	14, 15	13, 15	14, 15	
D21S11		30	30	30, 32.2	30	
D7S820		10, 11	9, 10	9	9, 10	
CSF1PO		10, 12	10, 12	10, 11	10, 12	
D3S1358		15, 16	16, 18	18	16, 18	
TH01		7, 9.3	7	6, 7	7	
D13S317		8	8, 12	9, 12	8, 12	
D16S539		11, 13	11	10, 11	11	
vWA		14, 17	17, 18	16, 18	17, 18	
TPOX		8, 12	8	8	8	
D18S51		12, 15	12, 13	13, 15	12, 13	
Amelogenin		X	X, Y	X, Y	X, Y	
D5S818		9, 12	7, 12	7, 11	7, 12	
FGA		20, 22	20, 22	22, 27	20, 22	

JPLR	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
3.49E+003	ESNESTADO	DVI-9-1-388/735	Unidentified...	CADAVERE...			3.49E+003

JPLR	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
5.94E+007	INTCZCODIS	DVI-II-9-1-388/735	Unidentified...	CADAVERE...			5.94E+007
3.71E+006	ESADN8003	DVI-II-8-2-390/715	Unidentified...	CADAVERE...			3.71E+006

22. Arthur Teal, busca a su hermana Natasha Teal (DVI-42-FS2CO3 vs DVI-3-11-212/199)

Se configura un *STN* de hermano que busca hermana. Compatibles otros perfiles con menor *CPLR*.

STR	mtDNA	Y-STR
Locus	Target DVI-I-42-FS2CO3 ERTUPC Biological Sibling	Candidate MOSSOS DVI-I-3-11-212/199 Unidentified Person 8.96E+02
D8S1179	13	13
D21S11	28, 30	30.2, 32.2
D7S820	10, 11	10, 11
CSF1PO	11	10, 12
D3S1358	15, 17	16
TH01	7, 9	6, 9
D13S317	10	10, 14
D16S539	9, 12	11, 12
vWA	17	16, 17
TPOX	8	8
D18S51	15	15, 17
Amelogenin	X, Y	X
D5S818	7, 12	7, 12
FGA	23, 25	23

JPLR	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
8.96E+002	MOSSOS	DVI-I-3-11-212/199	Unidentified...	CADAVERE...	1.87E+003		1.67E+006

Candidates UHR	JPLR	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
DVI-3-5-165/190	5,98E+02	-	-	5,98E+02
DVI-3-13-212/204	-	1,87E+03	-	1,87E+03

23. Marique Moretti busca a su madre Angela Moretti (DVI-3-BD1 vs DVI-4-3-215/350)

Se configura un *MP* de hija que busca a madre.

STR mtDNA Y-STR			
Locus	Δ	Target DVI-I-3-BD1 ERTUPC Biological Child	Candidate MOSSOS DVI-I-4-3-215/350 Unidentified Person 1.03E+05
D8S1179		13, 14	13
D21S11		30	30, 31.2
D7S820		10, 12	12, 13
CSF1PO		10, 12	10
D3S1358		15	15, 16
TH01		7	7
D13S317		9, 11	11, 12
D16S539		12	10, 12
vWA		14, 17	14, 18
TPOX		8, 11	11
D18S51		14, 17	14, 15
Amelogenin	X		X
D5S818		9.1, 12	9.1, 10
FGA		22, 24	24, 25

JPLR	▼	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
1.03E+005		MOSSOS	DVI-I-4-3-215/350	Unidentified...	CADAVERE...			1.03E+005

24. Eli Peyton y Oxana Peyton buscan a su hijo Nick Peyton (DVI-35-FB2 and DVI-35-MB2AU1 vs DVI-12-11-512/1055)

Se configura un *MP* de padre y madre que buscan a un hijo. En estos supuestos, si no obtenemos resultados, hay que tener en cuenta la posibilidad de que el padre no sea el biológico.

STR mtDNA Y-STR				
Locus	Δ	Target DVI-I-35-FB2 ERTUPC Biological Father	Target DVI-I-35-MB2AU1 ERTUPC Biological Mother	Candidate MOSSOS DVI-I-12-11-512/1055 Unidentified Person 7E+13
D8S1179		13	10, 13	13
D21S11		28, 29	30, 31	28, 31
D7S820		9, 10	8, 10	8, 9
CSF1PO		10, 12	11, 12	10, 11
D3S1358		16	15, 16	15, 16
TH01		7, 9.3	6, 9.3	9.3
D13S317		8, 12	9, 11	8, 9
D16S539		11	9, 11	9, 11
vWA		17	17, 18	17, 18
TPOX		11, 12	8	8, 11
D18S51		17, 21	13, 14	14, 17
Amelogenin	X, Y		X	X, Y
D5S818		7, 10	7, 9	7, 9
FGA		21, 26	20	20, 26

JPLR	▼	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
7.00E+013		MOSSOS	DVI-I-12-11-512/1055	Unidentified...	CADAVERE...			7.00E+013

25. Silken Moss busca a su hijo Brody Moss (DVI-35-MB1 vs DVI-12-10-499/1055)

Se configura un *MP* de madre que busca hijo.

STR	mtDNA	Y-STR
Locus	Target DVI-I-35-MB1 ERTUPC Biological Mother	Candidate ESSP28043 DVI-I-12-10-499/1055 Unidentified Person 4.46E+06
D8S1179	12	12, 13
D21S11	28, 29	27, 28
D7S820	8, 10	8
CSF1PO	12	12
D3S1358	16, 17	17, 18
TH01	7, 9.3	6, 7
D13S317	10	10, 11
D16S539	10, 12	11, 12
vWA	14, 17	16, 17
TPOX	8, 10	8, 10
D18S51	12, 18	12, 14
Amelogenin	X	X, Y
D5S818	7, 9	7
FGA	25	21, 25

JPLR	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
4.46E+006	ESSP28043	DVI-I-12-10-499/1055	Unidentified...	CADAVERE...			4.46E+006

26. John Coventry busca a su hijo Will Coventry (DVI-21-FB1 vs DVI-15-9p-454/1335 and DVI-15-1p-449/1330)

Se configura un *MP* de padre que busca hijo. Sólo se oferta compatible un resto cadavérico puesto que el otro resto presenta algunas pérdidas alélicas. Para identificar el segundo resto es necesario configurar una búsqueda en *HIGH* de *Unidentified Person*, o incluso configurar un *STN* con los propios perfiles de los cadáveres como si buscaran a un hermano.

STR	mtDNA	Y-STR
Locus	Target DVI-I-21-FB1 ERTUPC Biological Father	Candidate ESSP28043 DVI-I-15-9p-454/1335 Unidentified Person 6.55E+01
D8S1179	13, 14	13, 14
D21S11	30, 30.2	29
D7S820	11, 13	11
CSF1PO	10, 14	10
D3S1358	15, 16	15, 16
TH01	7, 9.3	
D13S317	8, 10	10, 11
D16S539	11, 12	12
vWA	16, 18	16, 17
TPOX	8, 11	8, 11
D18S51	12, 18	14, 18
Amelogenin	X, Y	X, Y
D5S818	10, 11	10, 12
FGA	20, 24.2	20, 22

STR Loci	DVI-15-1p-449/1330	DVI-15-9p-454/1335
D3S1358	15, 16	15, 16
vWA	16, 17	16, 17
FGA	←	←
AMEL	X, Y	X, Y
D8S1179	13, 14	13, 14
D21S11	←	←
D18S51	14,	14
D5S818	10, 12	10, 12
D13S317	10, 11	10, 11
D7S820	11, 11	11
TH01	←	←
TPOX	8, 11	8, 11
CSF1	10	10, 10
D16S359	←	←

JPLR	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
6.55E+001	ESSP28043	DVI-I-15-9P-454/1335	Unidentified...	CADAVERE...		2.77E+003	1.82E+005

27. Daniel y Jill Ogilvie buscan a su hijo Jack Ogilvie (DVI-21FB2 and DVI-21-MB2 vs DVI-15-4-455/1340)

Se configura un *MP* de padre y madre que buscan a hijo.

STR	mtDNA	Y-STR		
Locus	Δ	Target DVI-II-21-FB2 ESPF31006 Biological Father	Target DVI-II-21-MB2 ESPF31006 Biological Mother	Candidate ESADN8003 DVI-II-15-4-455/1340 Unidentified Person 6.41E+12
► D8S1179		13, 16	8, 12	8, 16
D21S11		28, 32.2	29, 32.2	28, 29
D7S820		10	10, 11	10, 11
CSF1PO		10, 12	10, 11	10, 12
D3S1358		15, 17	18, 19	17, 18
TH01		6, 9.3	6, 9.3	6, 9.3
D13S317		9, 12	9, 10	9, 10
D16S539		9	9, 11	9, 11
vWA		16, 17	16	16
TPOX		8, 11	8, 9	8
D18S51		13, 17	12, 16	16, 17
Amelogenin		X, Y	X	X, Y
D5S818		7, 11	11	7, 11
FGA		19, 22	21, 24	21, 22

JPLR	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
6.41E+012	ESADN8003	DVI-II-15-4-455/1340	Unidentified...	CADAVERE...		2.77E+003	1.78E+016

28. Samy Rousse e Isabelle Zambon (separados) buscan a sus hijos Fred Rousse y Stephane Rousse (DVI-18-4-605/1550 and DVI-16-FB3/4 vs DVI-18-1-620/1580 and DVI-18-11-635/1595)

Se configura un *MP* de padre y madre buscando a hijo e hija. En estos supuestos si no obtenemos resultados, hay que tener en cuenta la posibilidad de que el padre no sea el biológico.

STR	mtDNA	Y-STR			
Locus	Δ	Target DVI-II-16-FB3/4 ESPF31006 Biological Father	Target DVI-II-18-4-605/1550 ESPF31006 Biological Mother	Candidate ESADN8003 DVI-II-18-11-635/1595 Unidentified Person 3.42E+15	Candidate INTCZCODIS DVI-II-18-1-620/1580 Unidentified Person 1.16E+13
► D8S1179		13, 14	13	13	13, 14
D21S11		29, 30	30, 33.2	30	30
D7S820		10	11, 12	10, 11	10, 12
CSF1PO		10	10	10	10
D3S1358		14, 17	14, 17	14	14, 17
TH01		9.3	9, 9.3	9.3	9, 9.3
D13S317		9	10, 13	9, 13	9, 10
D16S539		10, 11	11	11	11
vWA		17	15, 19	17, 19	15, 17
TPOX		8, 12	9, 11	8, 9	8, 11
D18S51		13, 15	15, 17	13, 17	15
Amelogenin		X, Y	X	X, Y	X, Y
D5S818		7	7, 11	7	7, 11
FGA		19, 23	18, 25	19, 25	19, 25

JPLR	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
3.42E+015	ESADN8003	DVI-II-18-11-635/1595	Unidentified...	CADAVERE...			3.42E+015
1.16E+013	INTCZCODIS	DVI-II-18-1-620/1580	Unidentified...	CADAVERE...			1.16E+013

29. Damien Aimson busca a su hija Carrie Aimson (DVI-58-FB1 vs DVI-14-8-370/1255)

Se configura un *MP* de padre buscando hija. En esta casuística existía alelos fuera del ladder. En función de la modificación de estos alelos, los resultados estadísticos varían.

STR	mtDNA	Y-STR
Locus	Target DVI-II-58-FB1 INTCZCODIS Biological Father	Candidate ESADN8003 DVI-II-14-8-370/1255 Unidentified Person 5.78E+07
D8S1179	13, 14	13, 14
D21S11	29, 31.2	31.2, 32.2
D7S820	10, 12	10, 12
CSF1PO	8, 12	8, 11
D3S1358	15, 16	16
TH01	8, 9.3	7, 8
D13S317	10, 12	9, 12
D16S539	9, 13	11, 13
vWA	16, 19	18, 19
TPOX	8, 11	11
D18S51	13, 16	15, 16
Amelogenin	X, Y	X
D5S818	7, 11	7, 11
FGA	19, 50.3	19, >30

JPLR	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
5.78E+007	ESADN8003	DVI-II-14-8-370/1255	Unidentified...	CADAVERE...			5.78E+007

30. Duncan Bate y Bianca Bate buscan a su hijo Gregory Bate (DVI-20-6-479/1718 and DVI-45-MB2 vs DVI-19-6-483/1649)

Se configura un *MP* de padre y madre buscando a hijo. En estos supuestos, si no obtenemos resultados, hay que tener en cuenta la posibilidad de que el padre no sea el biológico.

STR	mtDNA	Y-STR	
Locus	Δ		
	Target DVI-I-20-6-479/1718 MOSSOS Biological Father	Target DVI-I-45-MB2 MOSSOS Biological Mother	Candidate ERTUPC DVI-I-19-6-483/1649 Unidentified Person 1.15E+09
► D8S1179	13	10, 15	13, 15
D21S11	30.2, 32.2	30, 31.2	30, 30.2
D7S820	9, 11	8, 10	8, 9
CSF1PO	12, 13	10, 12	12
D3S1358	15, 16	14, 18	15, 18
TH01	6, 7	7, 9.3	6, 9.3
D13S317	11	8, 12	8, 11
D16S539	11, 12	9, 13	12, 13
vWA	16, 17	16, 18	17, 18
TPOX	9, 11	8	8, 9
D18S51	15, 17	13, 15	13, 17
Amelogenin	X, Y	X	X, Y
D5S818	7, 12	11, 12	12
FGA	19, 24	19, 23	23, 24

JPLR	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
1.15E+009	ERTUPC	DVI-I-19-6-483/1649	Unidentified...	CADAVERE...		2.77E+003	3.18E+012

31. Val Beatnik busca a dos sobrinos nietos (paternos), River Beatnik (varón) y Summer Beatnik (mujer) (DVI-17-GUI/2 vs DVI-2-9-190/105 and DVI-1-3-182/65)

Nos encontramos con una búsqueda en la que sólo podemos identificar al sobrino varón al contar con Haplotipo de *CR-Y*.

Es necesario configurar un *PT* por *STN* para vincular a ese sobrino varón gracias al Haplotipo de *CR-Y*. Con el cadáver del sobrino vinculado, se debe confeccionar otro *PT* también por *STN*, con la Categoría de Perfil *Biological Sibling*, para encontrar a su hermana (ambos incorporan *ADNmt*).

A) Búsqueda *STN*

STR	mtDNA	Y-STR
Locus	Target DVI-II-17-GUI/2 INTCZCODIS Paternal Relative	Candidate ESPF31006 DVI-II-2-9-190/105 Unidentified Person 9.18E+00
D8S1179	10, 13	14, 15
D21S11	29	29, 30
D7S820	8, 11	8, 10
CSF1PO	12	10, 12
D3S1358	16, 17	15, 17
TH01	7	7, 9.3
D13S317	8, 11	8, 9
D16S539	9, 12	12, 13
vWA	17	15, 18
TPOX	8, 9	8, 9
D18S51	16, 19	15, 17
Amelogenin	X, Y	X, Y
D5S818	11, 12	11
▶ FGA	21, 25	21, 25

B) Búsqueda *STN*

STR	mtDNA	Y-STR		
Locus	△	Target DVI-II-17-GU1/2 INTCZCODIS Paternal Relative	Target DVI-II-2-9-190/105.1 INTCZCODIS Biological Sibling	Candidate ESADN8003 DVI-II-1-3-182/65 Unidentified Person 1.42E+05
▶ D8S1179		10, 13	14, 15	13, 15
D21S11		29	29, 30	29, 30
D7S820		8, 11	8, 10	8, 11
CSF1PO		12	10, 12	10
D3S1358		16, 17	15, 17	15, 17
TH01		7	7, 9.3	7, 9.3
D13S317		8, 11	8, 9	9
D16S539		9, 12	12, 13	9, 13
vWA		17	15, 18	15, 18
TPOX		8, 9	8, 9	8, 9
D18S51		16, 19	15, 17	15, 18
Amelogenin		X, Y	X, Y	X
D5S818		11, 12	11	11, 12
FGA		21, 25	21, 25	21, 24

JPLR	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
9.18E+000	ESPF31006	DVI-II-2-9-190/105	Unidentified...	CADAVERE...		2.77E+003	2.55E+004

JPLR	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
1.42E+005	ESADN8003	DVI-II-1-3-182/65	Unidentified...	CADAVERE...			1.42E+005

32. Kevin Gables busca a su mujer Marilla Blithe (separados) y tres hijas Ruby, Diana y Josie Gables (DVI-33-FB6/7/8 vs DVI-10-5-365/870 and DVI-10-4-330/890 and DVI-10-7-370/875 and DVI-11-10-328/902)

Configuramos un *MP* en el que un varón busca a mujer y tres hijas.

CODIS únicamente nos oferta a las hijas candidatas, puesto que el software no es capaz de vincular el triángulo familiar cuando el *Spouse* es también buscado, siendo además el *CPLR* bastante bajo (no hay técnicas auxiliares).

Es necesario una vez encontradas las hijas, configurar un nuevo *MP* bien con el padre y las hijas (estas últimas introduciéndolas con nueva Categoría de Perfil – *Biological Child*), o únicamente utilizando a las hijas. Cuantos más familiares compongan el *PT* mayor será el *CPLR* que nos permitirá confirmar las identificaciones.

A) Búsqueda *MP* (oferta solo a las hijas)

STR	mtDNA	Y-STR				
Locus	Δ	Target DVI-II-33-FB6/7/8 INTCZCODIS Biological Father	Candidate ESPF31006 DVI-II-10-5-365/870 Unidentified Person 4.45E+03	Candidate ESADN8003 DVI-II-10-7-370/875 Unidentified Person 9.17E+05	Candidate ESPF31006 DVI-II-10-4-330/890 Unidentified Person 5.56E+03	
► D8S1179		11, 13	13		11, 13	
D21S11		29, 31	29, 32	29, 30	29, 32	
D7S820		10, 11	10, 11	9, 10	10	
CSF1PO		10, 11	10, 11	11	11	
D3S1358		15, 16	15, 16	15, 16	15, 16	
TH01		6, 9.3	6, 9	9, 9.3	7, 9.3	
D13S317		8, 9	9, 11	8, 11	8, 10	
D16S539		9, 11	11	9, 11	11	
vWA		18	18	18	18	
TPOX		8	8, 11	8, 11	8, 12	
D18S51		11, 14	14, 16	11, 14	14	
Amelogenin		X, Y	X	X	X	
D5S818		7, 12	11, 12	7, 13	12, 13	
FGA		21, 23	19, 23	19, 23	21, 22	

B) Nuevo *PT MP* con Biological Child

STR	mtDNA	Y-STR			
Locus	Δ				
	Target DVI-II-10-4-330/890.1 INTCZCODIS Biological Child	Target DVI-II-10-5-365/870.1 INTCZCODIS Biological Child	Target DVI-II-10-7-370/875.1 INTCZCODIS Biological Child	Target DVI-II-33-FB6/7/8 INTCZCODIS Biological Father	Candidate ESADN8003 DVI-II-11-10-328/902 Unidentified Person 4.97E+14
D8S1179	11, 13	13	13	11, 13	13
D21S11	29, 32	29, 32	29, 30	29, 31	30, 32
D7S820	10	10, 11	9, 10	10, 11	9, 10
CSF1PO	11	10, 11	11	10, 11	10, 11
D3S1358	15, 16	15, 16	15, 16	15, 16	16
TH01	7, 9.3	6, 9	9, 9.3	6, 9.3	7, 9
D13S317	8, 10	9, 11	8, 11	8, 9	10, 11
D16S539	11	11	9, 11	9, 11	11
vWA	18	18	18	18	17, 18
TPOX	8, 12	8, 11	8, 11	8	11, 12
D18S51	14	14, 16	11, 14	11, 14	14, 16
Amelogenin	X	X	X	X, Y	X
D5S818	12, 13	11, 12	7, 13	7, 12	11, 13
► FGA	21, 22	19, 23	19, 23	21, 23	19, 22

JPLR	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
9.17E+005	ESADN8003	DVI-II-10-7-370/875	Unidentified...	CADAVERE...			9.17E+005
5.56E+003	ESPF31006	DVI-II-10-4-330/890	Unidentified...	CADAVERE...			5.56E+003
4.45E+003	ESPF31006	DVI-II-10-5-365/870	Unidentified...	CADAVERE...			4.45E+003

JPLR	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
4.97E+014	ESADN8003	DVI-II-11-10-328/902	Unidentified...	CADAVERE...			4.97E+014

33. Tabitha Booth y Liv Booth, buscan a su hijo y hermano Wayne Booth (DVI-19-9-640/1644 and DVI-17-11-562/1508 vs DVI-20-8p-612/1725 and DVI-19-10p-636/1654 and DVI-20-7P-524/1729)

Se configura un *MP* con madre e hija buscando a hijo/hermano respectivamente. Se ofertan dos restos cadavéricos, y falta un tercero que presentaba pérdidas alélicas. Para identificar el tercer resto, es necesario realizar una búsqueda en *HIGH* de *Unidentified Person*, o incluso configurar un *STN* con los propios perfiles de los cadáveres como si buscaran a un hermano.

STR	mtDNA	Y-STR				
Locus	Δ	Target DVI-II-17-11-562/1508 INTCZCODIS Biological Sibling	Target DVI-II-19-9-640/1644 INTCZCODIS Biological Mother	Candidate ESADN8003 DVI-II-20-8P-612/1725 Unidentified Person 4.87E+05	Candidate ESPF31006 DVI-II-19-10P-636/1654 Unidentified Person 3.71E+05	
► D8S1179		12, 13	12, 13	13	13	
D21S11		29, 31	29	29, 31	29, 31	
D7S820		8, 13	12, 13	8, 13	8, 13	
CSF1PO		10, 11	10, 12	10, 12	10, 12	
D3S1358		15	15	15	15	
TH01		6, 9.3	6, 9	9		
D13S317		7, 9	9, 12	8, 9	8, 9	
D16S539		9	9, 10	10, 11	10, 11	
vWA		16, 19	16, 17	16	16	
TPOX		8	8, 10	8	8	
D18S51		13, 14	14, 16	14, 15	14, 15	
Amelogenin		X	X	X, Y	X, Y	
D5S818		10, 13	10, 11	11	11	
FGA		24, 25	21, 24	23, 24	23, 24	

STR Loci	DVI-19-10p-636/1654	DVI-20-7p-524/1729	DVI-20-8p-612/1725
D3S1358	15, 15	15, 15	15, 15
vWA	16, 16	16, 16	16, 16
FGA	23, 24	23	23, 24
AMEL	X, Y	X, Y	X, Y
D8S1179	13, 13	13, 13	13, 13
D21S11	29, 31	29, 31	29, 31
D18S51	14, 15	14, 15	14, 15
D5S818	11, 11	11, 11	11, 11
D13S317	8, 9	8, 9	8, 9
D7S820	8, 13	13	8, 13
TH01			9, 9
TPOX	8	16	8, 8
CSF1	10, 12	10	10, 12
D16S359	10, 11	10, 11	10, 11

JPLR	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
4.87E+005	ESADN8003	DVI-II-20-8P-612/1725	Unidentified...	CADAVERE...			4.87E+005
3.71E+005	ESPF31006	DVI-II-19-10P-636/1654	Unidentified...	CADAVERE...			3.71E+005

34. Lola Coleman y Heidi Coleman buscan a su sobrina y nieta (materna) Chloe Samsung (DVI-36-AU1FS2 and DVI-36-MB2GM1 vs DVI-5-9-250/435)

Se configura un *STN* de abuela y tía buscando a sobrina. Compatible otro perfil con menor *CPLR* y también descartado por sexo.

STR	mtDNA	Y-STR	
Locus	Target DVI-II-36-MB2GM1 INTCZCODIS Maternal Relative	Target DVI-II-36-AU1FS2 INTCZCODIS Maternal Relative	Candidate ESPF31006 DVI-II-5-9-250/435 Unidentified Person 8.05E+02
▶ D8S1179	10, 13	13, 15	13, 14
D21S11	31, 32.2	28, 31	29, 32.2
D7S820	8, 11	11	8, 9
CSF1PO	9, 12	9, 11	12
D3S1358	16, 17	15, 16	15, 17
TH01	9.3	7, 9.3	7, 9.3
D13S317	9, 14	9	9, 11
D16S539	11, 12	11, 13	10, 12
vWA	14, 17	14, 17	17, 18
TPOX	8, 12	12	8
D18S51	16, 19	16, 17	12, 17
Amelogenin	X	X	X
D5S818	7, 11	7, 10	7
FGA	19, 23	19, 25	19, 21

JPLR	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
8.05E+002	ESPF31006	DVI-II-5-9-250/435	Unidentified...	CADAVERE...	2.74E+003		2.20E+006

Candidates UHR	JPLR	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
DVI-3-5-165/190	1,38E+04	-	-	1,38E+04

35. Carly Guinness busca a su hermana Cyrintha Guinness (DVI-12-BD1FS2 vs DVI-12-1-490/1075)

Se configura un *STN* de hermana buscando a hermana.

STR	mtDNA	Y-STR
Locus	Target DVI-I-12-BD1FS2 MOSSOS Biological Sibling	Candidate ERTUPC DVI-I-12-1-490/1075 Unidentified Person 3.19E+02
D8S1179	14, 15	13, 14
D21S11	28, 30	30, 32.2
D7S820	8	11
CSF1PO	12	12
D3S1358	15	15, 16
TH01	6, 7	6, 7
D13S317	9, 10	11, 14
D16S539	11, 12	11
vWA	16, 17	16, 17
TPOX	8, 9	8
D18S51	14, 16	14, 16
Amelogenin	X	X
D5S818	11, 13	11, 13
FGA	25, 27	19, 25

JPLR	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
3.19E+002	ERTUPC	DVI-I-12-1-490/1075	Unidentified...	CADAVERE...	8.10E+002		2.58E+005

36. Ike Ragina, busca a su hermana Lynn Ragina (DVI-42-FS3CO2 vs DVI-3-13-212/204)

Se configura un *STN* de hermana buscando a hermana. Compatible otro perfil con menor *CPLR* y también descartado por sexo.

STR	mtDNA	Y-STR
Locus	Target DVI-I-42-FS3CO2 MOSSOS Biological Sibling	Candidate ESSP28043 DVI-I-3-13-212/204 Unidentified Person 2.48E+05
D8S1179	13, 14	14
D21S11	29, 30	29, 30
D7S820	9, 11	9, 11
CSF1PO	9, 12	11, 14
D3S1358	15, 16	14, 15
TH01	7, 9	6, 7
D13S317	10, 11	9, 12
D16S539	12	10, 12
vWA	16	16, 18
TPOX	8, 10	8, 10
D18S51	16	16
Amelogenin	X, Y	X
D5S818	7, 12	7, 12
FGA	23, 24	23, 24

JPLR	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
2.48E+005	ESSP28043	DVI-I-3-13-212/204	Unidentified...	CADAVERE...	1.87E+003		4.63E+008

Candidates UHR	JPLR	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
DVI-3-5-165/190	3,10E+04	-	-	3,10E+04

37. Bonnie Marsden busca a su hermano Zachary Marsden y sobrino Maxwell Marsden (*DVI-FS1/3AU* vs *DVI-10-9-460/860* and *DVI-10-10-463/858*)

La búsqueda realizada por *STN* de hermana que busca a hermano y sobrino, únicamente nos oferta a su posible hermano (gracias a la existencia de *ADNmt*). Aparece compatible otro perfil con menor *CPLR* y descartado por sexo.

Una vez identificado el hermano tenemos que configurar un nuevo *PT*, en este caso por *MP*, y cambiar la Categoría de Perfil a *Biological Father* para realizar la búsqueda del hijo de este, sobrino de Bonnie. Pero sin embargo la BD de datos no ofrece a ningún candidato, por lo que todo parece indicar que Zarchay no es padre biológico de Maxwell (sorpresas que da la vida).

Búsqueda *STN* (oferta solo al hermano)

STR	mtDNA	Y-STR
Locus	Target	Candidate
	DVI-I-DVI-I-FS1/3AU MOSSOS Biological Sibling	ESSP28043 DVI-I-10-9-460/860 Unidentified Person 1.48E+01
D8S1179	14, 15	14
D21S11	29, 30	29, 30
D7S820	11	11
CSF1PO	11, 12	10, 11
D3S1358	15, 16	15
TH01	7, 9.3	9.3
D13S317	8, 11	8, 14
D16S539	9, 12	10, 11
vWA	15, 17	15, 19
TPOX	11	8, 12
D18S51	14, 16	15, 16
Amelogenin	X	X, Y
D5S818	7, 12	9, 12
FGA	19, 24	19, 22

JPLR	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
1.48E+001	ESSP28043	DVI-I-10-9-460/860	Unidentified...	CADAVERE...	2.74E+003		4.06E+004

Candidates UHR	JPLR	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
DVI-17-6-605/1472	7,66E+02	-	-	7,66E+02

38. Cordelia MacCulloch busca a su hermana Dallas McCulloch (*DVI-38-FS1HS2* vs *DVI-4-11-100/348*)

Se configura un *STN* buscando a hermana. Compatible otro perfil con menor *CPLR* y descartado por Mitochondrial.

STR	mtDNA	Y-STR
Locus	Target	Candidate
	DVI-II-38-FS1HS2 INTCZCODIS Biological Sibling	ESPF31006 DVI-II-4-11-100/348 Unidentified Person 4.79E+04
D8S1179	14	13, 14
D21S11	29, 33.2	29, 31
D7S820	11, 12	10, 12
CSF1PO	12	12
D3S1358	15, 17	16, 18
TH01	8, 9.3	9, 9.3
D13S317	9, 11	9
D16S539	10, 13	10
vWA	16, 18	14, 18
TPOX	12	8, 12
D18S51	12, 17	12
Amelogenin	X	X
D5S818	7, 12	7, 12
FGA	19, 25	24, 25

JPLR	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
4.79E+004	ESPF31006	DVI-II-4-11-100/348	Unidentified...	CADAVERE...	2.74E+003		1.31E+008

Candidates UHR	JPLR	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
DVI-5-9-250/433	2,05E+04	-	-	2,05E+04

39. Iris Wellington busca a sus abuelos (maternos), Violet y Joseph Montgomery (DVI-25-GD1/2 vs DVI-5-1-328/370 and DVI-4-2-325/295)

Se configura un *STN* de nieta buscando a ambos abuelos. La BD oferta solo a la abuela, y con la configuración actual que tenemos establecida para las búsquedas por *STN*, el abuelo nunca sería ofertado, incluso confeccionando otro *PT* con la nieta y la abuela como conocidas.

STR	mtDNA	Y-STR
Locus	Target DVI-I-25-GD1/2 MOSSOS Maternal Relative	Candidate ESSP28043 DVI-I-5-1-328/370 Unidentified Person 1.56E+01
D8S1179	14	13
D21S11	28, 29	31.2, 32.2
D7S820	11	11
CSF1PO	12, 13	9, 13
D3S1358	16, 17	15
TH01	6	6, 7
D13S317	12	10, 12
D16S539	11, 12	11, 12
vWA	16, 17	17, 19
TPOX	9, 12	8, 12
D18S51	13, 15	14, 15
Amelogenin	X	X
D5S818	11, 12	7, 12
FGA	19, 22	22, 24

JPLR	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
1.56E+001	ESSP28043	DVI-I-5-1-328/370	Unidentified...	CADAVERE...	3.31E+002		5.15E+003

40. Jonas Muller, busca a su hija Johanna Muller (DVI-1-FB1 vs DVI-6-5-345/481)

Se configura un *MP* de padre que busca a hija. El *CPLR* es muy bajo.

STR	mtDNA	Y-STR
Locus	Target DVI-I-1-FB1 MOSSOS Biological Father	Candidate ERTUPC DVI-I-6-5-345/481 Unidentified Person 8.93E+03
D8S1179	13, 14	13, 16
D21S11	29, 30	29, 30
D7S820	10, 11	10, 11
CSF1PO	10, 12	10, 12
D3S1358	15, 17	15
TH01	6, 9.3	6, 9.3
D13S317	9, 12	10, 12
D16S539	11, 12	12
vWA	16, 17	15, 16
TPOX	8, 12	11, 12
D18S51	13, 19	13, 14
Amelogenin	X, Y	X
D5S818	11	11
FGA	21, 23	23, 25

JPLR	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
8.93E+003	ERTUPC	DVI-I-6-5-345/481	Unidentified...	CADAVERE...			8.93E+003

41. Paula Powell busca a su hijo Clay Powell y marido Simon Powell. Kelly Powell a su padre/hermano (*DVI-4-MB1 and DVI-4-BD2S1 vs DVI-3-5-165/190 and DVI-3-8-155/195*)

Se configura un *MP* con una madre y una hija de esta, buscando ambas a marido/hijo, padre/hermano respectivamente. La BD oferta a ambos candidatos, pero se puede comprobar como el padre cadáver no es el padre biológico del hijo cadáver (sí de la hija) y al existir coincidencia en el haplotipo del *CR-Y* de ambos varones, el padre biológico de este hijo cadáver encaja en que podría ser un hermano biológico del presunto padre cadáver (otra sorpresa).

STR	mtDNA	Y-STR		
Locus	Δ	Target DVI-I-4-MB1 MOSSOS Biological Mother	Target DVI-I-4-BD2S1 MOSSOS Biological Child	Candidate ERTUPC DVI-I-3-8-155/195 Unidentified Person 2.52E+06
► D8S1179		13, 14	14, 15	12, 15
D21S11		31.2, 32.2	30, 32.2	29, 30
D7S820		11	10, 11	9, 10
CSF1PO		9, 10	10	10
D3S1358		15, 16	15	15
TH01		6, 9.3	6, 9.3	7, 9.3
D13S317		10, 11	10, 11	10, 11
D16S539		9, 12	12	9, 12
vWA		14, 17	14, 17	16, 17
TPOX		8, 12	8	8, 12
D18S51		17, 19	14, 19	14, 16
Amelogenin	X		X	X, Y
D5S818		12	7, 12	7, 11
FGA		23, 25	21, 25	21, 25

STR	mtDNA	Y-STR		
Locus	Δ	Target DVI-I-4-MB1 MOSSOS Biological Mother	Target DVI-I-4-BD2S1 MOSSOS Biological Child	Candidate ESSP28043 DVI-I-3-5-165/190 Unidentified Person 4.11E+06
D8S1179		13, 14	14, 15	13
D21S11		31.2, 32.2	30, 32.2	32.1, 32.2
D7S820		11	10, 11	9, 11
► CSF1PO		9, 10	10	9, 12
D3S1358		15, 16	15	15, 16
TH01		6, 9.3	6, 9.3	6, 7
D13S317		10, 11	10, 11	10, 11
D16S539		9, 12	12	12
vWA		14, 17	14, 17	16, 17
TPOX		8, 12	8	8, 12
D18S51		17, 19	14, 19	15, 19
Amelogenin		X	X	X, Y
D5S818		12	7, 12	7, 12
FGA		23, 25	21, 25	25

JPLR	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
2.52E+006	ERTUPC	DVI-I-3-8-155/195	Unidentified...	CADAVERE...			2.52E+006

JPLR	Agency ID	Specimen ID	Category	Indexes	mtDNA LR	Y-STR LR	Combined LR
4.11E+006	ESSP28043	DVI-I-3-5-165/190	Unidentified...	CADAVERE...			4.11E+006

42. Jasper Schulz busca a hermano gemelo univitelino Frank Schulz (*DVI-4-1-260/340 vs DVI-10-8p-390/895 and DVI-11-1p-380/935 and DVI-11-3p-385/925*)

Se configura un *STN* de hermano que busca a hermano (aunque sea gemelo).

STR	mtDNA	Y-STR				
Locus	Δ	Target DVI-II-4-1-260/340 INTCZCODIS Biological Sibling	Candidate ESADN8003 DVI-II-11-1P-380/935 Unidentified Person 3.63E+06	Candidate ESADN8003 DVI-II-10-8P-390/895 Unidentified Person 6.69E+09	Candidate ESPF31006 DVI-II-11-3P-385/925 Unidentified Person 6.69E+09	
▶ D8S1179		13, 14	13, 14	13, 14	13, 14	
D21S11		30, 33.2	30	30, 33.2	30, 33.2	
D7S820		11, 12	11, 12	11, 12	11, 12	
CSF1PO		10, 11	10	10, 11	10, 11	
D3S1358		15, 16	15, 16	15, 16	15, 16	
TH01		7, 9.3		7, 9.3	7, 9.3	
D13S317		8, 11	8, 11	8, 11	8, 11	
D16S539		11, 12	11, 12	11, 12	11, 12	
vWA		14, 17	14, 17	14, 17	14, 17	
TPOX		8	8	8	8	
D18S51		14, 17	14	14, 17	14, 17	
Amelogenin		X, Y	X, Y	X, Y	X, Y	
D5S818		11, 13	11, 13	11, 13	11, 13	
FGA		22, 25	22, 25	22, 25	22, 25	