



IDENTIFICACIÓN DE PERSONAS DESAPARECIDAS MEDIANTE BÚSQUEDA EN LA BASE NACIONAL DE PERFILES GENÉTICOS DE APLICACIÓN EN INVESTIGACIÓN JUDICIAL -CODIS-: REPORTE DE DOS CASOS

Instituto Nacional de Medicina Legal y Ciencias
Forenses, Suplemento

RESUMEN

En el marco del conflicto armado que se ha presentado durante los últimos años en el territorio colombiano, el Estado ha llevado a cabo la labor de investigar, recuperar e identificar los cuerpos de personas desaparecidas en el proceso de reparación a las víctimas. La identificación de personas fallecidas y desaparecidas en la mayoría de los casos es un proceso largo y complejo, en el que es frecuente contar con muy escasa información sobre la posible identidad del individuo y sin ninguna información sobre los familiares. Es aquí donde el análisis de ADN y las bases de datos relacionadas juegan un papel importante en este proceso.

Palabras clave: CODIS; Bases de datos de perfiles genéticos; Búsqueda en base de datos; Identificación de personas desaparecidas.

Ruth Marlén Figueroa-Franco¹
Gloria Carolina Vicuña-Giraldo²

1. Microbióloga M. Sc.

*Instituto Nacional de Medicina
Legal y Ciencias Forenses -
Regional Bogotá -Grupo de
Genética Forense.*

2. Bióloga M. Sc.

*Instituto Nacional de Medicina
Legal y Ciencias Forenses -
Regional Bogotá - Grupo de
Genética Forense.*

Correspondencia:

Grupo de Genética Forense.

*Instituto Nacional de Medicina
Legal y Ciencias Forenses.*

Correo electrónico:

rmfigueroa@medicinalegal.gov.co

Se presentan dos casos en los que se logra la identificación de dos individuos previamente reportados en condición de no identificados (individuos CNI); esto se da años después mediante la búsqueda y comparación de perfiles genéticos en la Base Nacional de Perfiles Genéticos de Aplicación en Investigación Judicial CODIS (Combined DNA Index System por sus siglas en inglés) y haciendo una ampliación del análisis genético en ambos casos para su confirmación.

INTRODUCCIÓN

La desaparición forzada se ha definido como el arresto, detención o secuestro de una persona en contra de su voluntad por agentes gubernamentales, por grupos organizados o particulares con apoyo directo o indirecto del Estado, sin información alguna sobre su paradero (1,2).

En muchos de los casos de desaparición forzada las personas nunca retornan a sus hogares y se presume que mueren en cautiverio. Sin la información del paradero de las víctimas, una forma de mitigar el dolor para los familiares es la de recibir la confirmación fehaciente de la muerte de sus seres queridos, y de esta manera poder tratar sus restos de forma digna de acuerdo a su cultura y creencias religiosas y así continuar con su proceso de duelo. Es por esto que la recuperación e identificación de restos humanos encontrados en fosas es pieza fundamental en el proceso de reparación a víctimas.

La base de datos CODIS fue creada en 1990 por el Departamento de Justicia de los Estados Unidos para almacenamiento de perfiles de ADN humano y con el propósito de recolectar información genética de agresores sexuales convictos en este país y en Canadá. Posteriormente fue empleada en el estudio de desastres masivos fuera de Estados

Unidos para determinar la probabilidad de identidad entre víctimas y familiares (3,4).

En 1999 se estableció el acuerdo bilateral entre Colombia y Estados Unidos para el fortalecimiento de la paz. En el marco de este llamado *Plan Colombia*, el Instituto Nacional de Medicina Legal y Ciencias Forenses (INMLCF) adquirió la plataforma CODIS desde el año 2005, cuyo objetivo era lograr el fortalecimiento tecnológico en la investigación judicial. La base de datos CODIS en Colombia se denominó *Base Nacional de Perfiles Genéticos de Aplicación en Investigación Judicial* y desde sus inicios funciona con una estructura en red desde un servidor nacional ubicado en el INMLCF, nutrido con información genética de sus laboratorios (Bogotá, Cali, Medellín y Villavicencio) y de los laboratorios de genética del Cuerpo Técnico de Investigación (CTI) de la Fiscalía General de la Nación (FGN) y del Departamento de Investigación Judicial (DIJIN).

Se hacen entonces dos tipos de búsquedas en la base de datos: la primera de ellas es la búsqueda para comparación de perfiles genéticos de una evidencia en un caso particular con los perfiles genéticos de todos los sospechosos incluidos en la base de datos (módulo criminalística), y en algunas ocasiones también se compara contra las evidencias de los demás casos en búsqueda de delitos en serie.

El segundo tipo de búsqueda permite establecer posibles parentescos entre los familiares de personas desaparecidas y el perfil genético de individuos CNI (módulo identificación). Cada perfil registrado en el sistema incluye marcadores genéticos nucleares microsatélite STR (Short Tandem Repeats). En sus inicios se analizaban 13 STR, pero actualmente la base permite incluir hasta 29 marcadores genéticos nucleares. La base almacena hasta el momento 26.662 perfiles genéticos, de los cuales 2.065 corresponden a restos humanos en la categoría de desaparecidos y 245.557 a familiares.

Una vez detectada una coincidencia entre los perfiles del sospechoso con las evidencias de los casos archivados (modulo criminalística) o del posible parentesco de un individuo CNI con una familia (módulo identificación), el administrador de la base de datos realiza el reporte e informa a las áreas forenses del INMLCF relacionadas —patología, antropología y Red Nacional de Personas Desaparecidas—, quienes analizan e intercambian información para verificar la coincidencia genética.

La información de perfiles genéticos apropiadamente sistematizada abre una posibilidad de análisis en la investigación judicial muy valiosa para la administración de justicia en casos tales como desaparición forzada, identificación de víctimas, desastres masivos, delitos sexuales, homicidios, etc.

REPORTE DE CASOS

Corresponden a 2 víctimas de procesos independientes, cuyos cuerpos se encontraban en condición de no identificados. Los perfiles genéticos de estos individuos fueron obtenidos en años anteriores en el Laboratorio de Genética del INMLCF en Bogotá, D.C. y la información de la base de datos fue cruzada con la de los familiares de las víctimas respectivas.

Caso 1: Individuo CNI que por sus características bioantropológicas corresponde a una persona de sexo masculino, con edad entre 25 y 35 años y cuyo cuerpo fue exhumado. Su perfil genético fue obtenido 3 años antes del análisis acá reportado a partir de una muestra ósea y se encontraba almacenado en CODIS. El perfil del posible padre biológico de la víctima fue incluido en CODIS por el Laboratorio de Genética del CTI dos años atrás.

Caso 2: Individuo CNI que por sus características bioantropológicas corresponde a un individuo del sexo masculino, con edad entre 26 y 36 años y su cuerpo también fue exhumado.

Su perfil genético fue obtenido 2 años antes de este reporte a partir de una muestra de fémur y se encontraba almacenado en CODIS. El perfil genético de la posible madre biológica de la víctima fue incluido en CODIS por el Laboratorio de Genética del CTI.

METODOLOGÍA

Búsqueda de personas desaparecidas en CODIS

Según el proceso de administración de la base de datos en el INMLCF, se realizó la búsqueda periódica de rutina en el software CODIS versión 5.7.4, módulo *Match Manager*, comparando todos los perfiles genéticos almacenados en la Base Nacional de Perfiles Genéticos de Aplicación en Investigación Judicial con los perfiles de todos los familiares de personas desaparecidas.

Se estableció como criterio de aceptación de baja restricción un número mínimo de coincidencias en 10 marcadores genéticos, en los que se compartiera al menos un alelo por cada sistema genético, teniendo en cuenta que el perfil genético puede incluir un número mayor de marcadores en la base de datos (5).

Al encontrarse las coincidencias, estas fueron remitidas mediante el informe respectivo al Grupo Nacional de Patología (INMLCF), quienes realizaban los demás estudios relacionados. La información no genética indicaba la posible asociación de los individuos CNI con familiares buscando a personas desaparecidas; en estos casos se requirió la confirmación del hallazgo genético.

Ampliación del estudio genético

Teniendo en cuenta los perfiles de ADN de las dos personas desaparecidas y de los respectivos familiares, cada uno de los casos constaba de 16 marcadores genéticos ingresados en CODIS

y fue necesario ampliar el número de marcadores para confirmar el hallazgo. Los extractos de ADN de las muestras óseas previamente analizadas y almacenadas fueron empleados para la detección de los otros sistemas genéticos.

Las muestras de sangre de los posibles familiares de los dos casos fueron solicitadas al laboratorio de genética del CTI y remitidas en tarjetas FTA; posteriormente fueron procesadas junto con los extractos de las muestras óseas para los mismos sistemas.

Extracción, amplificación y tipificación de ADN: se realizó extracción de sangre sobre las tarjetas FTA (supuesto padre caso 1 y supuesta madre caso 2) mediante el procedimiento estandarizado para la resina Chelex 100™ (6). En el caso de las muestras de los individuos CNI se utilizaron los extractos de ADN previamente extraídos. Se realizó amplificación por protocolos de PCR múltiplex con los kits Powerplex® 16 HS y PowerPlex® ESX 17 de Promega para STRs autosómicos, utilizando los termocicladores GeneAmp PCR Systems 2720 o 9700 (Applied Biosystems), para complementar los perfiles genéticos de ADN de las muestras de ambos casos (7,8).

El análisis de fragmentos de PCR se hizo por electroforesis capilar en los analizadores genéticos ABI 3130 y 3100 de Applied Biosystems. La asignación alélica fue realizada con escaleras alélicas secuenciadas asociadas al kit respectivo y la determinación de los alelos se hizo mediante el programa Gene Mapper versión 3.2 (9).

Cálculos de probabilidad: se determinó el índice de paternidad (IP) para el caso 1 y el índice de maternidad (IM) para el caso 2, teniendo en cuenta las frecuencias génicas de la población colombiana (10,11,12,13,14).

RESULTADOS

En el caso 1 el perfil genético compartía el 50% de la información para 15 de los sistemas

genéticos con el posible padre biológico y en el caso 2 el perfil genético compartía el 50% de la información para 15 sistemas genéticos con su posible madre biológica.

Con base en este hallazgo se realizó la búsqueda de información de cada uno de los casos y se procedió a analizar la información relacionada no genética. Con la información de los familiares coincidentes en cada uno de los casos, se procedió a realizar una búsqueda en el Sistema de Información Red de Desaparecidos y Cadáveres del INMLCF (SIRDEC), con lo que también se encontraron coincidencias con respecto a sitios de desaparición, sexo de los individuos desaparecidos y otros datos adicionales respectivamente en ambos casos.

Con todos estos elementos se procedió a ampliar el estudio genético a 23 marcadores con el fin de confirmar los resultados, obteniendo valores de probabilidad de paternidad en el caso 1 y probabilidad de maternidad en el caso 2 superiores a los establecidos como estándar de calidad en el laboratorio, que indican no exclusión de las relaciones de parentesco.

El resultado del estudio genético ampliado fue valorado por el grupo de patología junto con los hallazgos ante-mortem descritos en la necropsia, en el estudio antropológico forense y en el resumen de los hechos en la desaparición de cada individuo, obteniendo la identificación definitiva de las personas y haciendo la entrega de cada cuerpo a la familia correspondiente.

En el caso 1, no teniendo información disponible del familiar, la Red Nacional de cadáveres en condición de no identificados y personas desaparecidas del INMLCF contactó al familiar mediante los medios de comunicación disponibles en una de sus sedes, mientras que en el caso 2 lo hizo a través de la autoridad a cargo del caso, con lo cual los cuerpos fueron entregados finalmente a sus respectivos familiares.

La búsqueda sistematizada y la revisión continua de posibles coincidencias en la Base

Nacional de Perfiles Genéticos de Aplicación en Investigación Judicial es una ayuda invaluable en el proceso de identificación de personas en condición de no identificadas, sin importar el momento en el que se ingresó la información de perfiles genéticos y en que el laboratorio ingresó la información. En el caso 1 la muestra del cuerpo sin identificar fue ingresada a la base un año antes del ingreso del perfil genético del padre biológico de esta persona, que fue ingresado por otro laboratorio.

Es importante resaltar que es necesario alimentar la Base de datos con mayor información genética de familiares y de individuos CNI ya ingresados en la base CODIS para permitir posteriores coincidencias que puedan llegar a una identificación como en estos dos casos, incluso muchos años después de la desaparición, lo cual permite que se pueda lograr que muchas familias puedan realizar su proceso de duelo una vez realizada la identificación.

Teniendo en cuenta la experiencia en el manejo del sistema, el Instituto Nacional de Medicina Legal y Ciencias Forenses ha recomendado que el número de marcadores genéticos no sea inferior a 23 para ingresar un perfil a la base de datos, tanto de personas sin identificar como de familiares que buscan una persona desaparecida, permitiendo valores de probabilidad que eviten posteriores ampliaciones del estudio genético y haciendo la recomendación extensiva a las otras instituciones y entidades participantes.

Adicionalmente, es importante resaltar que los laboratorios que ingresen perfiles genéticos a las bases de datos se encuentren acreditados o cumplan con las normas ISO/IEC 17025 en cuanto al manejo y control de calidad de los datos genéticos, y además se cuenta con los niveles de acceso y restricción en el manejo de la información acorde al reconocimiento realizado por la UNESCO sobre la condición de sensibilidad de los datos genéticos para la salvaguarda de la confidencialidad,

privacidad e integridad de dicha información almacenada tanto de los individuos CNI como de familiares.

REFERENCIAS

1. Oficina del Alto Comisionado de las Naciones Unidas para los Derechos Humanos. Desapariciones forzadas o involuntarias. Nueva York: Folleto informativo No. 6/rev. 3; 2009 [cited 2015 Dec 3]. Available from: <http://goo.gl/0zMby4>.
2. Oficina del Alto Comisionado de las Naciones Unidas para los Derechos Humanos. Convención internacional para la protección de todas las personas contra las desapariciones forzadas París: OHCHR; 2006 [cited 2015 Dec 3]. Available from: <http://goo.gl/OUOQaG>.
3. U.S. Department of Justice. Federal Bureau of Investigation. FBI Laboratory 2006. Quantico: FBI; 2006 [Cited 2015 Dec 3]. Available from: <https://goo.gl/beizEi>.
4. **Buckleton J, Triggs C, Clayton T.** Disaster Victim Identification, identification of Missing Persons, and Immigration Cases. In: Buckleton J, Triggs CM, Walsh SJ, Editors. Forensic DNA Evidence Interpretation. Nueva York, Washington: CRC Press; 2005. p. 395-434.
5. Instituto Nacional de Medicina Legal y Ciencias Forenses. Instructivo Ingreso de perfiles genéticos a la base nacional de datos de perfiles genéticos de aplicación en investigación judicial. Bogotá, D.C.: INMLCF; 2009.
6. Instituto Nacional de Medicina Legal y Ciencias Forenses. Procedimiento Estandarizado de Trabajo Extracción de ADN a partir de sangre usando resinas quelantes. Bogotá, D.C.: INMLCF; 2002.
7. Instituto Nacional de Medicina Legal y Ciencias Forenses. Procedimiento Estandarizado de Trabajo. Amplificación de los marcadores genéticos tipo STR y amelogenina incluidos en el Kit Power Plex®16 System. Bogotá, D.C.: INMLCF; 2005.
8. Instituto Nacional de Medicina Legal y Ciencias Forenses. Procedimiento Estandarizado de Trabajo

- jo. Amplificación mediante la utilización de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) múltiple de los marcadores genéticos tipo STR y amelogenina incluidos en los Kits: PowerPlex® ESX17, ESX-16, ESI 17 y ESI-16 y su análisis. Bogotá, D.C.: INMLCF; 2011.
9. Instituto Nacional de Medicina Legal y Ciencias Forenses. Procedimiento Estandarizado de Trabajo Manejo del programa GeneMapper para el análisis de datos obtenidos en el analizador genético. Bogotá, D.C.: INMLCF; 2008.
 10. Paredes M, Galindo A, Bernal M, Ávila S, Andrade D, Vergara C, *et al.* Analysis of the CODIS autosomal STR loci in four main Colombian Regions. *Forensic Sci. Int.* 2003;137(1):67-73. <http://doi.org/cj29q6>.
 11. Yunis JJ, García O, Cuervo AG, Guío E, Pineda CR, Yunis EJ. Population data for PowerPlex 16 in thirteen departments and the capital city of Colombia. *J. Forensic Sci.* 2005;50(3):685-702. <http://doi.org/dcpvgr>.
 12. Hill CR, Duewer DL, Kline MC, Sprecher CJ, McLaren RS, Rabbach DR, *et al.* Concordance and population studies along with stutter and peak height ratio analysis for the PowerPlex® ESX 17 and ESI 17 Systems. *Forensic Sci. Int. Genet.* 2011;5(4):269-75. <http://doi.org/bhhcnd>.
 13. Burgos-Figueroa HG. Análisis genético poblacional de los mini STR's D10S1248, D14S1434 Y D22S1045 en una muestra de la región Andina Colombiana y su aplicación en el campo forense. [Tesis]. Medellín: Universidad de Antioquia-Laboratorio de identificación genética-IdentiGen; 2012.
 14. Porras L, Beltrán L, Ortiz T, Sánchez-Diz P, Carracedo A, Henao J. Genetic polymorphism of 15 STR loci in central western Colombia. *Forensic Sci. Int. Genet.* 2008;2(1):e7-8. <http://doi.org/b8w7q4>.