



## RECOMENDACIONES SOBRE LOS ESTUDIOS DE IDENTIFICACIÓN GENÉTICA EN CASOS DE ADOPCIONES IRREGULARES Y SUSTRACCIÓN DE RECIÉN NACIDOS

*(Documento aprobado en el Pleno de la Comisión Nacional para el Uso Forense del ADN de fecha 16 de mayo de 2012)*

El presente documento tiene por objeto establecer unas recomendaciones generales para asegurar la calidad y la fiabilidad de los estudios de identificación genética en casos de adopciones irregulares y sustracción de recién nacidos, tanto en la búsqueda de compatibilidades entre individuos vivos mediante bases de datos de ADN, como en el análisis de identificación genética de restos de exhumación de recién nacidos.

### 1.- Selección y Obtención de Muestras de Referencia

La selección y obtención de muestras de referencia se realizará de acuerdo a lo dispuesto en las siguientes recomendaciones científicas:

Recomendaciones para la recogida y envío de muestras con fines de identificación genética. Grupo de Habla Española Portuguesa de la Sociedad Internacional Genética Forense (GHEP-ISFG). Madeira 02 de Junio de 2002

<http://www.gep-isfg.org/archivos/201301/Recogida%20de%20evidencias.pdf>

Recomendaciones para la recogida y remisión de muestras con fines de identificación genética en grandes catástrofes. Grupo de Habla Española Portuguesa de la Sociedad Internacional Genética Forense (GHEP-ISFG). 20 de Julio de 2007

<http://www.gep-isfg.org/archivos/201301/Documento%20catastrofes%20GEP%20con%20portada.pdf>

Real Decreto 32/2009, 6 de febrero de 2009. Protocolo nacional de actuación Médico-forense y de Policía Científica en sucesos con víctimas múltiples. BOE 06/02/2009

<http://www.boe.es/boe/dias/2009/02/06/pdfs/BOE-A-2009-2029.pdf>

Las normas para la preparación y remisión de muestras objeto de análisis por el Instituto Nacional de Toxicología y Ciencias Forenses Orden JUS/1291/2010, de 13 de mayo (BOE 19/05/2010). <http://www.boe.es/boe/dias/2010/05/19/pdfs/BOE-A-2010-8030.pdf>

Los familiares más adecuados para proceder a la identificación de hijos adoptados irregularmente, por orden de prioridad, son los siguientes: ambos progenitores, un solo progenitor más otro familiar de línea complementaria (ejemplo: padre y un familiar materno, madre y un familiar paterno), hermanos varones de padre y madre (2 o más es lo más apropiado), hermanas de padre y madre (2 o más es lo más apropiado), otros familiares que compartan la línea paterna o la línea materna.

MINISTERIO  
DE JUSTICIA

Las muestras objeto de estudio deben ir acompañadas de un formulario en el que se recojan los datos de identificación del donante, la relación del donante con la persona que se pretende identificar, el tipo de muestra recogida y los datos de la cadena de custodia. Así mismo, dicho formulario incluirá una fórmula de consentimiento informado que recoja al menos el siguiente contenido mínimo establecido por la Comisión Nacional para el Uso Forense del ADN: (1) la naturaleza de los perfiles de ADN, (2) uso y la cesión de los perfiles de ADN, (3) los laboratorios capacitados para realizar los análisis, (4) la conservación de las muestras y (5) los derechos de cancelación, rectificación y acceso a los datos.

## **2.- Selección y Obtención de Muestras en Exhumaciones de Cadáveres de Recién Nacidos**

Se recomienda que las exhumaciones de cadáveres de recién nacidos, dada su complejidad técnica, sean llevadas a cabo por los Institutos de Medicina Legal utilizando procedimientos adecuados que aseguren la documentación, recuperación y preservación de todos los restos.

Se deben de recoger y enviar todos los restos de exhumación para su estudio criminalístico (restos óseos, paños quirúrgicos, pelos, pinzas del cordón...) y para la selección de los restos sobre los que se hará el análisis genético.

Se recomienda, así mismo y en todos los casos, el estudio antropológico de restos óseos, previo al análisis genético, así como el estudio criminalístico de pelos, en su caso.

## **3.- Análisis Genéticos y Acreditación de Laboratorios**

En el caso de disponer de muestras de referencia de progenitores directos (padres y/o madres) el análisis genético estará basado en primer lugar en el estudio de marcadores STR ("Short Tandem Repeats") autosómicos y concretamente en los marcadores STR incluidos en el nuevo estándar de la Unión Europea (establecido en la resolución de 30 de Noviembre de 2009 relativa al intercambio de resultados de análisis de ADN (2009/C 296/01) del Consejo de Europa) y en el estándar CODIS del Departamento de Justicia de los EEUU, así como en otros STRs validados en el ámbito forense.

Cuando se disponga sólo de un progenitor serán necesarios análisis complementarios de STRs autosómicos adicionales, STRs de cromosoma Y (Y-STR), STRs de cromosoma X (X-STR) o ADN mitocondrial (mtDNA), según el caso en cuestión.

En el caso de hermanos varones de padre y madre se realizará el análisis de STR autosómicos, Y-STR y mtDNA.

En el caso de hermanas de padre y madre se realizará el análisis de STR autosómicos, mtDNA y, en el caso en que se considere necesario, X-STRs.

MINISTERIO  
DE JUSTICIA

En el caso de muestras de referencia de otros familiares que compartan la línea paterna o materna se realizará el análisis de Y-STR y mtDNA, respectivamente, y en su caso análisis de STR autosómicos y X-STR.

En el análisis genético de restos óseos de recién nacidos procedentes de exhumación, además del tipaje los marcadores STR autosómicos, se recomienda el uso de marcadores mini-STRs, Y-STR y/o mtDNA (incluyendo amplicones cortos de mtDNA) cuando se considere necesario por el estado de degradación del ADN obtenido y/o el tipo de muestras de referencia para comparación. Si en algún caso fuera necesario, se podrían analizar otros tipos de polimorfismos de pequeño tamaño (SNPs, Indels) con el fin de corroborar o excluir el parentesco.

En consonancia con lo establecido por la Comisión Nacional para el uso forense del ADN en materia de acreditación y control de calidad de los laboratorios (Acuerdo del Pleno de la Comisión de fecha 21/07/2009) los laboratorios deberán estar acreditados de acuerdo a la norma EN ISO/IEC 17.025 por la Entidad Nacional de Acreditación (ENAC) y superar al menos un control de calidad externo anual de entre los siguientes: el control de calidad de polimorfismos de ADN del Grupo de Habla Española y Portuguesa de la Sociedad Internacional de Genética Forense (GHEP-ISFG) o el control de calidad de polimorfismos de ADN del Grupo Alemán de la Sociedad Internacional de Genética Forense (GEDNAP).

La gran dificultad que entrañan parte de estos análisis debido al alto estado de degradación y al bajo número de copias del ADN que puede recuperarse de los restos de exhumación de recién nacidos, hace especialmente recomendable también que los mismos sean llevados a cabo por laboratorios de genética forense que dispongan de procedimientos validados para el análisis genético de restos óseos y dentales y acreditados de acuerdo a la norma EN ISO/IEC 17.025.

#### **4.- Registro y Búsqueda en Base de Datos de ADN**

Los laboratorios deberán ajustarse a lo establecido en la LO 15/1999, de 13 de diciembre, de Protección de Datos de Carácter Personal y en su Reglamento de desarrollo, garantizando que los ficheros que integran las bases de datos de ADN con fines de identificación humana:

Han sido declarados al Registro General de Protección de Datos de la Agencia de Protección de Datos.

Están sometidos al nivel de seguridad alto.

Los laboratorios deberán, así mismo, garantizar también que los sistemas informáticos de búsqueda y gestión de las bases de datos de ADN son sistemas validados en el ámbito forense que garantizan la integridad de los datos de ADN y la fiabilidad de los algoritmos utilizados en la búsqueda de compatibilidades entre los grupos familiares.



## 5.- Criterios de Interpretación y Comunicación de Compatibilidades

Se recomienda disponer siempre que se pueda de ambos progenitores (padre y madre) para alcanzar un alto grado de fiabilidad en las compatibilidades que puedan observarse en las búsquedas mediante bases de datos y también debido a la alta tasa de perfiles parciales que puedan obtenerse de los restos de exhumación.

La valoración estadística de las compatibilidades observadas se realizará mediante el cálculo de índices de paternidad o índices parentesco (*"Likelihood Ratio"*, LR) de acuerdo a las siguientes recomendaciones establecidas por la Comisión de Pruebas de Paternidad y Comisión de ADN de la ISFG:

ISFG: Recommendations on biostatistics in paternity testing

[http://www.isfg.org/files/7e61d5197d8894216dfc00b97350196021a56484.fsigen\\_2007\\_isfg\\_pat\\_recomm.pdf](http://www.isfg.org/files/7e61d5197d8894216dfc00b97350196021a56484.fsigen_2007_isfg_pat_recomm.pdf)

DNA Commission of the International Society for Forensic Genetics (ISFG): Recommendations regarding the role of forensic genetics for disaster victim identification (DVI)

[http://www.isfg.org/files/726ff129fb1b493261d1ce8b306647a702995979\\_piis1872497306000032.pdf](http://www.isfg.org/files/726ff129fb1b493261d1ce8b306647a702995979_piis1872497306000032.pdf)

Siguiendo dichas recomendaciones se utilizarán bases de datos poblacionales apropiadas tanto para marcadores autosómicos como haplotípicos y un umbral estadístico mínimo para la comunicación de los grupos familiares que resulten compatibles, según se establece en el apartado 6 de las recomendaciones de la Comisión de ADN de la ISFG referentes a identificaciones de víctimas anteriormente mencionadas.

En casos en los que solo se disponga de un progenitor, y ante la posibilidad de que puedan producirse compatibilidades fortuitas entre individuos no relacionados genéticamente, se recomienda el estudio de marcadores STR autosómicos adicionales, así como el análisis de Y-STR, X-STR o mtDNA, según proceda.

En el caso de que se realicen análisis combinados de marcadores con distintos tipos de herencia se procederá a una valoración independiente y combinada de los índices de verosimilitud y, dependiendo del número de familiares de referencia en el pedigrí y del valor de los índices obtenidos, se valorará la posibilidad de obtener muestras de referencia adicionales de otros familiares.