

## LA GENÉTICA FORENSE Y SUS APLICACIONES

FRANCESC MESTRES

DEPARTAMENTO DE GENÉTICA, UNIVERSIDAD DE BARCELONA

La Genética forense es una disciplina que en la actualidad goza de una gran popularidad debido a su reiterada aparición en la prensa escrita, series de televisión y producciones cinematográficas. Aunque la palabra 'forense' se asocia comúnmente con 'médico forense' y el estudio de los cadáveres, técnicamente deriva de la palabra latina 'forum', el foro, donde los romanos llevaban a cabo sus juicios. De forma que 'forense' es un adjetivo que indica referencia a temas judiciales. Por tanto, la Genética forense no es más que la utilización de esta rama de la ciencia para resolver temas judiciales. Los ámbitos principales de actuación de la Genética forense son: la identificación de individuos para resolver diferentes tipos de delitos (asesinatos, robos, etc.), la identificación de individuos desaparecidos o de cuerpos seriamente dañados como consecuencia de una gran catástrofe (natural o producida por el hombre), los estudios de paternidad (o de otros grados de parentesco) y por último la identificación de diferentes especies o de individuos concretos de ciertas especies (para resolver temas de fraudes alimentarios, casos criminales, ataques terroristas mediante microorganismos, etc.).

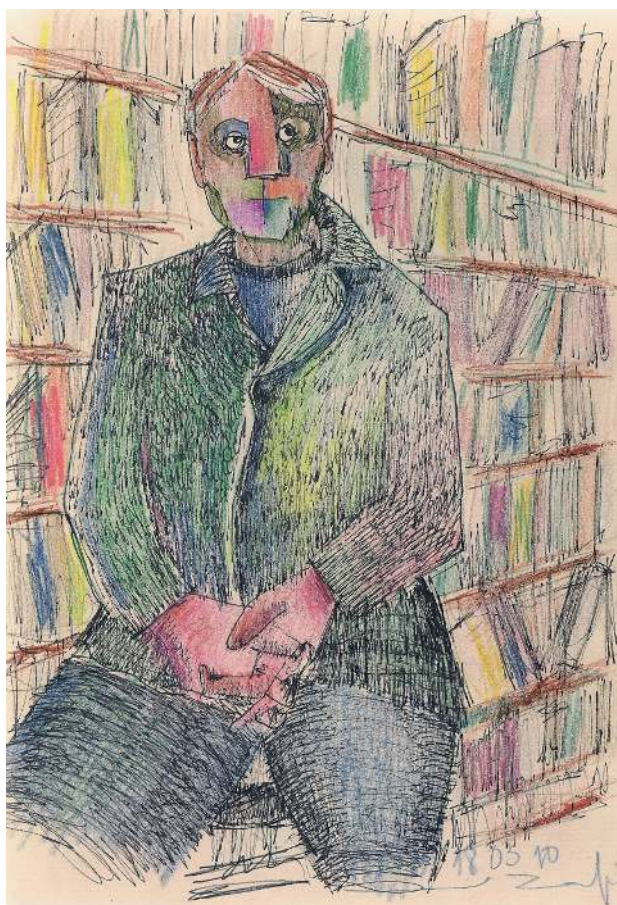
Si bien la popularidad de esta disciplina es reciente, ello no quiere decir que sea una especialidad nueva. De hecho su origen puede identificarse con la descripción del grupo sanguíneo ABO por parte de Landsteiner en 1900 (Jobling and Hill 2004; Mestres y Vives 2009a). Los grupos sanguíneos fueron los primeros marcadores genéticos utilizados para identificar personas y también para excluir individuos (demostrar que una mancha de sangre encontrada en el lugar de los hechos no pertenecía a un sospechoso o que un presunto padre no podía ser el padre biológico de una persona determinada). Sin embargo, la Genética forense tal y como la conocemos en la actualidad tiene sus orígenes en el estudio y resolución del caso Pitchfork mediante el uso de marcadores de ADN por parte de Alec Jeffreys y del Forensic Science Service del Reino Unido (Jeffreys et al. 1985; Kaye 2010). Con dichos marcadores de ADN se pudo demostrar que dos crímenes acontecidos en un lapso de tiempo de tres años fueron realizados por la misma persona, que el primer sospechoso pudo ser excluido al no coincidir su perfil genético con el del autor de los hechos y finalmente identificar al culpable (Colin Pitchfork). A la identificación genética de individuos basada en el ADN (obtener su perfil genético) es a lo que se llamó la "huella genética". Dicho término es poco acertado puesto que no guarda

ninguna relación con las huellas dactilares y en la actualidad está en desuso (Houk and Siegel 2006). Desde el caso Pitchfork la Genética forense ha avanzado mucho debido principalmente a dos factores fundamentales: las innovaciones en el campo del análisis de las secuencias de ADN y al incremento de las potencialidades informáticas (tanto de *hardware* como de *software*) (Mestres y Vives 2009b).

Una pregunta importante es ¿cómo se puede obtener el perfil genético de una persona? Todos nosotros estamos formados por un gran número de unidades básicas que son las células. En ellas existe una estructura denominada núcleo que es donde residen los cromosomas (exceptuando los glóbulos rojos que son anucleados). Los cromosomas están formados por una molécula de ADN y proteínas acompañantes. El ADN de los cromosomas de una misma persona es exactamente igual en todas sus células (con excepción de las células sexuales o gametos). Las moléculas de ADN son polímeros enormemente largos formados por un conjunto de subunidades denominadas nucleótidos. Estos sólo pueden ser de cuatro tipos diferentes simbolizados con las letras A, T, C o G. La secuencia de nucleótidos en las cadenas de ADN determina la información genética de los individuos. Para caracterizar desde el punto de vista genético a una persona (conocer su perfil genético) no hace falta conocer todas las secuencias de ADN de todos los cromosomas del individuo, sino que conociendo un conjunto determinando de secuencias (los denominados marcadores genéticos) se puede saber su perfil. El estudio de un conjunto de marcadores genéticos concretos simplifica mucho la cantidad de trabajo a realizar. En la actualidad los marcadores genéticos más utilizados son los siguientes: STR (*short tandem repeats* o secuencias cortas repetidas en tándem, también denominados microsatélites), SNP (*single nucleotide polymorphism* o polimorfismos de nucleótido único) y el ADNmt (ADN mitocondrial, que se obtiene a partir del orgánulo celular denominado mitocondria). Considero que no es oportuno aquí comentar las características de cada uno de estos marcadores, pero un lector interesado en este tema puede consultar a Butler (2005 y 2010), Goodwin et al. (2007) y Mestres y Vives (2009a).

Después de esta breve introducción, me gustaría comentar cada una de las grandes áreas de aplicación de la Genética forense. En primer lugar trataré de su importancia para resolver delitos tales como asesinatos o robos. Una vez producido un acto delictivo los agentes encargados de la investigación proceden al

análisis del lugar de los hechos. Existen muchas especialidades forenses (medicina forense, balística, toxicología, etc.) que aportarán información para tratar de reconstruir los sucesos acaecidos y así proceder a la identificación de los culpables (Houk and Siegel 2006). Entre los agentes especializados hay los que recogerán muestras biológicas del lugar de los hechos. Las manchas biológicas dejadas en la escena del delito pueden ser de diversos tipos, siendo las más corrientes la sangre (del agredido y/o del agresor si ha existido forcejeo entre ambos), el semen (en el caso de un asalto sexual) o la saliva (que puede estar en colillas de cigarrillos, goma de mascar, boca de botellas o latas de bebidas, pasamontañas, etc.). Es muy importante no contaminar la muestra biológica. Por lo tanto el oficial encargado llevará guantes (entre otros equipos protectores para evitar la contaminación del lugar de los hechos) y procederá con las máximas precauciones para recoger la muestra y guardarla debidamente. Se inicia en este punto una cadena de custodia que culmina con la entrega de dicha muestra al laboratorio forense para que se realice el correspondiente análisis del ADN. Esta cadena de custodia es imprescindible de forma que, si en algún momento se rompe, todos los análisis posteriores serán legalmente nulos. Todos los laboratorios que realizan este tipo de análisis deben estar debidamente homologados y además han de pasar controles periódicos de calidad. Además, se realizan pruebas (controles ciegos) entre laboratorios forenses con la finalidad de mantenerse preparados y con capacidad de resolver cuestiones problemáticas poco frecuentes. A partir de la muestra se extrae el ADN y éste se analiza para una colección de marcadores genéticos; por ejemplo en



Juan Zafra

nuestro país los laboratorios forenses de nuestros cuerpos policiales estudian los STR del sistema CODIS (iniciales de *Combined DNA Index System*). Dicho sistema fue desarrollado a partir de 1996 por el laboratorio del FBI con la ayuda de científicos externos. Algunos de estos marcadores ya eran conocidos y utilizados por el *Forensic Science Service* del Reino Unido, mientras que otros eran nuevos. También se analiza el gen Amilogenina, que permite identificar el sexo de la muestra (hombre o mujer). El análisis que se practica en el laboratorio forense permite obtener el perfil genético del individuo que dejó la muestra biológica (que como ya se ha comentado puede ser de sangre, semen, saliva, etc.). Si la investigación conduce a sospechar de un individuo, se puede extraer su ADN a partir de las células de su mucosa bucal, que se obtienen frotando con un hisopo especial (semejante a un palito para las orejas) por el interior de su boca, o bien mediante una muestra de su sangre. Si no se tienen sospechas de nadie, el perfil genético obtenido en la muestra se compara con los almacenados en un banco de datos que contiene perfiles genéticos de delincuentes conocidos. Por ejemplo en los Estados Unidos o el Reino Unido, toda la

población reclusa debe donar su ADN para así obtener su perfil genético e introducirlo en un banco de datos. También muchos delitos que implican arresto (como conducir bajo los efectos del alcohol) conllevan la obligatoriedad de donar el DNA y de introducir el perfil genético del individuo en el banco de datos. Por tanto, un programa informático cotejará el perfil genético obtenido a partir de la muestra biológica con los existentes en el banco de datos. Pueden ocurrir dos cosas, en primer lugar que no exista ninguna coincidencia y por tanto el perfil genético no pueda aso-

ninguna coincidencia y por tanto el perfil genético no pueda aso-

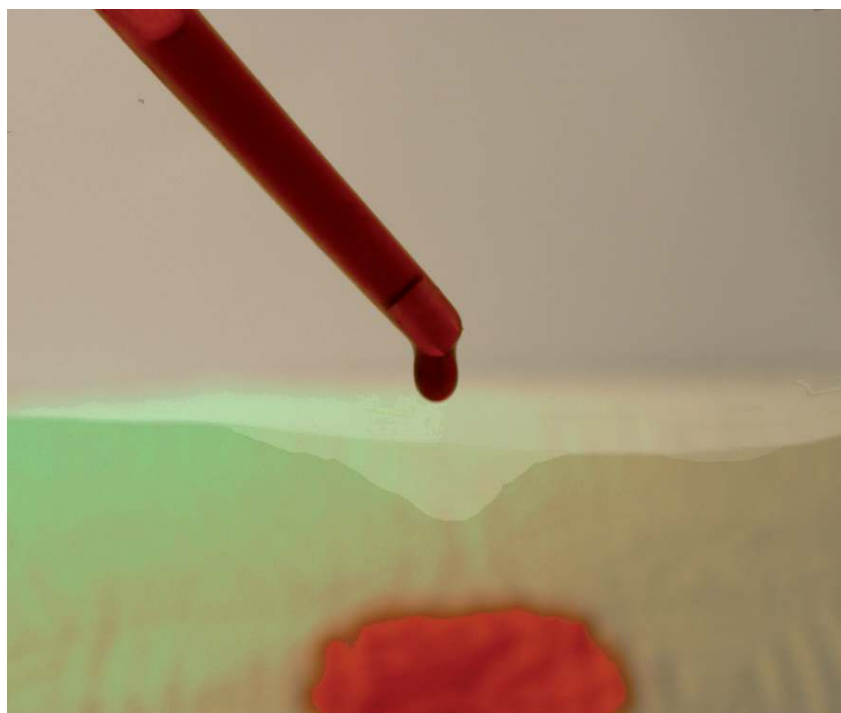
ciarse a ninguna persona conocida. Este perfil genético se guarda en un banco de datos especial a la espera de que algún día pueda conocerse a qué individuo pertenece. Los bancos de datos con los perfiles de delinquentes crecen constantemente y de esta forma se ha podido conocer el individuo al cual pertenece una muestra biológica muchos años después, resolviéndose así antiguos casos abiertos. La segunda posibilidad es que el programa detecte una coincidencia (lo que se conoce como un 'match' en el argot forense). En este caso se sabe a quien pertenece la muestra biológica dejada en el lugar de los hechos. Esta coincidencia de perfiles debe cuantificarse apropiadamente, pues existe la posibilidad de que por azar otra persona de la población presente este mismo perfil. Un error de identificación se produjo en el Reino Unido cuando se utilizaban solamente siete marcadores STR. Se arrestó una persona que presentaba el mismo perfil genético que el de la muestra biológica analizada, pero se comprobó, usando marcadores genéticos adicionales que era inocente (Goodwin et al. 2007). Actualmente en Estados Unidos el sistema CODIS se basa en el análisis de 13 marcadores STR, con lo cual la probabilidad de errores se ha minimizado enormemente. Para cuantificar la probabilidad de encontrar por azar el mismo perfil genético en la población se deben conocer dos especialidades científicas, la Estadística y la Genética de poblaciones. En general y usando los 13 STR del sistema CODIS, la probabilidad de encontrar por azar el mismo perfil genético en la población es del orden de  $10^{-19}$  (es decir 0,0000000000000000001) que es un valor extraordinariamente pequeño. Los especialistas forenses son los responsables de explicar correctamente dichos valores en el momento del juicio, para que el juez (y si procede el jurado) entiendan bien su significado. Un error grave en la presentación de dicha probabilidad es lo que se conoce como la falacia de la acusación. La conclusión correcta es: "el perfil genético de la muestra biológica analizada coincide con la de la persona X. La probabilidad de encontrar dicho perfil genético por azar en la población es igual a  $10^{-19}$ ". La forma incorrecta (falacia de la acusación) sería: "el perfil genético de la muestra biológica analizada coincide con la de la persona X. La probabilidad de que este perfil genético no pertenezca a dicha persona es igual a  $10^{-19}$ ". Es una interpretación incorrecta del cálculo de la probabilidad y perjudica gravemente al acusado. Para finalizar comentar una serie de consideraciones que creo que son importantes. Los marcadores genéticos son una herramienta potente en la resolución de casos delictivos,

pero tan sólo nos indican la pertenencia de una muestra biológica a un individuo. Sin embargo no nos dicen nada respecto a qué hacía dicha persona en el lugar de los hechos o si es culpable o no. Por lo tanto la Genética forense es una disciplina forense más, y la información conjunta de todas estas especialidades es lo que puede llevar al esclarecimiento de un caso. En último lugar, el decidir si un sospechoso es culpable o no será decisión del juez o del jurado. También se debe tener en cuenta que hay situaciones que la Genética forense no puede resolver. Así, en el caso particular de los hermanos gemelos idénticos (monocigóticos) el estudio del ADN no permite distinguirlos pues presentan exactamente el mismo perfil genético (un ejemplo reciente puede encontrarse en Poch 2009). Otra situación que se debe tener en cuenta es la que se produce en las personas con trasplantes de órganos. La persona tendrá un perfil genético, pero el órgano transplantado tendrá el perfil de donante. A pesar de éstas y otras pequeñas limitaciones la Genética forense ha permitido la resolución de casos complejos. Un ejemplo de su utilización fue el esclarecimiento del doble asesinato de Rocío Wanninkhof y Sonia Carabantes (Martínez 2003). El día 9 de Octubre de 1999 Rocío Wanninkhof desapareció cuando iba a Fuengirola, donde debía encontrarse con su novio. El 2 de Noviembre se encontró su cuerpo, en un lugar diferente de donde había sido asaltada y asesinada. Se investigó el entorno familiar de la víctima y las sospechas recayeron sobre Dolores Vázquez, antigua amante de la madre de Rocío Wanninkhof. En el posterior juicio Dolores Vázquez fue declarada culpable por el jurado, sin embargo dicho juicio fue declarado nulo y debía repetirse de nuevo. En Agosto de 2003, mientras Dolores Vázquez estaba en prisión, se produjo la desaparición y posterior asesinato de Sonia Carabantes. En este caso la Guardia Civil encontró una colilla en el lugar de los hechos de la misma marca que otra encontrada donde apareció el cuerpo de Rocío Wanninkhof. Se obtuvo ADN de la saliva que estaba en dichas colillas y también el los restos cutáneos presentes bajo las uñas del cadáver de Sonia Carabantes. Las tres muestras presentaban el mismo perfil genético, luego eran del mismo individuo. Una mujer sospechó de su ex-marido, lo denunció y la investigación policial llevó a analizar su perfil genético. Dicho perfil coincidía con el de las muestras (las dos colillas y los restos cutáneos). El individuo en cuestión era Tony Alexander King, expatriado y con un largo historial por delitos sexuales. En 2005 fue condenado por el crimen de Sonia Carabantes y en 2006 por el de

Rocío Wanninkhof. Existen muchos otros ejemplos de casos resueltos mediante las técnicas de la Genética forense, que, por ejemplo, pueden encontrarse en Butler (2005), Houck and Siegel (2006) y Goodwin et al. (2007).

Otro ámbito de estudio es la identificación de cadáveres. Estos pueden ser de personas desaparecidas o bien víctimas de grandes catástrofes. En el primer caso muchas veces se conoce el perfil genético de la persona desaparecida (que puede obtenerse aislando su ADN a partir de sus células bucales que han quedado en su cepillo de dientes o a partir de cabellos que se encuentren en su peine) o de sus familiares. Si aparece un cuerpo, se puede saber si pertenece a una persona desaparecida mediante la comparación de los perfiles genéticos. El FBI desarrolló un banco de datos informatizado para los perfiles de las personas desaparecidas (y de sus familiares) y en España se crearon los ficheros Fénix (de la Guardia Civil) y ADN-Humanitas (del Cuerpo Nacional de Policía) con dicha finalidad. Por este procedimiento se pudieron identificar los restos mortales de la niña Tamara Navas desaparecida el 3 de marzo de 2001 en Salou (Floría 2002). En el caso de las grandes catástrofes el análisis de los perfiles de ADN son especialmente útiles cuando los cuerpos de las víctimas han quedado muy dañados (Graham 2006). Es importante la correcta identificación de los cuerpos de las víctimas para que los familiares puedan realizar los funerales de sus seres queridos y también para los temas relacionados con seguros o herencias. Una gran catástrofe puede ser natural (como el tsunami de 2004) o producida por el hombre. En este caso puede deberse a un proceso accidental o a un ataque terrorista. Desde una perspectiva histórica la primera identificación de cadáveres como resultado de una gran catástrofe fue el desafortunado asalto del rancho Waco (Texas) por parte del FBI. Se produjo un gran incendio y muchos de los cuerpos de los miembros de la secta de los davidianos quedaron calcinados. En estas situaciones el ADN puede obtenerse o bien de la matriz ósea (donde existen células) o del interior de los dientes (que también contiene células). Aunque las temperaturas sean extremas la propia estructura dura de

la matriz de huesos y dientes protege al ADN de las células de su degradación. Diferentes catástrofes han servido para mejorar los procedimientos experimentales y también para desarrollar programas informáticos para la correcta y rápida identificación de los restos mortales. Los atentados del 11-S, por su magnitud y condiciones en que quedaron la mayoría de cuerpos, supusieron un reto importante en la identificación de las víctimas. Se introdujeron nuevos protocolos de laboratorio y de análisis de los datos (Butler 2005; Alonso et 2005; Mestres y Vives 2009b). Desgracia-



M<sup>a</sup> Estrella Povo

amente tenemos algunos ejemplos de grandes catástrofes en nuestro país, como los accidentes aéreos del Yak-42 (2003) y del vuelo Spanair JK5022 (2008) o los atentados terroristas del 11-M (2004). En ellos se pudo identificar algunas víctimas mediante el estudio de su perfil genético, puesto que por otros métodos resultaba imposible. La Sociedad Internacional de Genética Forense publicó recientemente una serie de consejos sobre como proceder en la identificación de las víctimas como consecuencia de una catástrofe (Prinz et al. 2007).

La tercera gran área de estudio es la relativa a las pruebas de paternidad y también, aunque en menor medida, de parentesco en general. Las pruebas de paternidad son antiguas y se basaban

en grupos sanguíneos y otras proteínas. Con la introducción de los marcadores basados en el ADN se ha simplificado el estudio a la vez que se ha aumentado el poder de discriminación. Como se pueden estudiar muchos marcadores moleculares es posible afirmar, con una probabilidad de error extraordinariamente pequeña, si un presunto padre es el padre biológico de una persona (Fung and Hu 2008). Muchas compañías privadas llevan a cabo estudios de paternidad. Un ejemplo importante por sus connotaciones políticas fue el del esclarecimiento del supuesto hijo de Clara Rojas, secuestrada por las FARC en 2002. Mientras estuvo en cautiverio tuvo un niño fruto de la relación con un guerrillero. Éste fue apartado de su madre y años después fue identificado un niño como el presunto hijo de Clara Rojas. El estudio de maternidad corrió a cargo del equipo del prestigioso profesor Ángel Carracedo (Instituto de Medicina Legal, Universidad de Santiago de Compostela) y se analizaron unos 50 marcadores moleculares para que la probabilidad de error fuese ínfima.

El último aspecto que se tratará es la identificación de diferentes especies o incluso de individuos concretos pertenecientes a una especie determinada que no sea la humana (Jobling and Gill 2004). Así por ejemplo existen marcadores moleculares basados en el ADN que son característicos de una determinada especie, con lo cual ésta puede ser identificada correctamente. Esta técnica analítica es útil para descubrir fraudes alimentarios, por ejemplo si se comercializa una especie de pescado de inferior calidad como si fuese una de mayor valor gastronómico. También permite seguir la pista de traficantes ilegales de animales exóticos o en vías de extinción (Mestres y Vives 2009a). La identificación de perfiles genéticos usando los marcadores de ADN puede permitir la identificación individual de animales domésticos como los perros o los gatos (Butler 2010). Estos residen en los ambientes humanos y los pelos depositados (de donde se puede obtener el ADN del animal) pueden servir para situar a un sospechoso en la escena del crimen. A su vez, la identificación de un resto vegetal como perteneciente a una determinada especie puede ser utilizada para relacionar a un sospechoso con un delito o para ayudar a demostrar que el cadáver de una víctima podría haber sido trasladado desde el lugar del asesinato. Otra aplicación es la identificación mediante pruebas de ADN de la marihuana, sustancia que en bastantes ocasiones está presente en la escena del delito. Se está trabajando en la identificación mediante perfiles genéticos de

plantas individuales para resolver cuestiones relacionadas con su tráfico (Butler 2010). Finalmente es posible detectar especies de microorganismos que puedan ser utilizadas para finalidades bioterroristas (Mestres y Vives 2009a). En los Estados Unidos se está potenciando la investigación de la Genética microbiana en el ámbito forense y desarrollando diversos protocolos de actuación para detectar la especie de microorganismo responsable de un ataque terrorista y deducir su origen.

En resumen, la Genética forense es una especialidad científica en expansión. Constantemente se mejoran los protocolos experimentales para conseguir la extracción de ADN a partir de muestras cada vez más pequeñas y de objetos que pueden ser importantes para la investigación de un delito. Por ejemplo, puede obtenerse el ADN a partir del material cutáneo (que es mínimo) depositado por contacto sobre el volante de un coche, la cerradura de una puerta, el mango de un cuchillo o la empuñadura de un arma (Butler 2007). También es posible extraer el ADN perteneciente a un cadáver del interior de un insecto necrófago (Houck and Siegel 2006) o incluso de la sangre succionada por una sanguijuela que la policía encontró en una casa de Tasmania (Australia) donde se había cometido un robo y que se había desprendido del cuerpo del ladrón (Grant 2010). Con las técnicas de ADN de la Genética forense ha sido posible resolver antiguos casos abiertos (Goodwin et al. 2007) o exonerar a personas erróneamente condenadas a prisión (Michaelis et al. 2008; Butler 2010). En este último caso debe recordarse que el material antiguo reanalizado actualmente respecto a su ADN puede haber sido contaminado involuntariamente por los oficiales responsables de la investigación del delito. Es importante recordar que hace relativamente pocos años que los oficiales de policía que penetran en el recinto de la escena del delito se protegen adecuadamente para no contaminar con su ADN las posibles pruebas o muestras. Un caso reciente de exoneración de un condenado tuvo lugar recientemente en nuestro país, cuando el Tribunal Supremo lo declaró inocente de un delito de violación gracias a las pruebas de ADN y ordenó su excarcelación (Brunet 2010).

Se está avanzando mucho en la metodología de secuenciación y análisis del ADN. La automatización y otras mejoras de dichos procesos ha permitido reducir las contaminaciones y el tiempo requerido para obtener el perfil genético de una muestra (Budowle and van Daal 2009). Otro ámbito donde también se

lleva a cabo un esfuerzo de investigación es en la obtención de nuevos marcadores moleculares de ADN, que además de permitir la obtención del perfil genético, sean capaces de dar información sobre las características morfológicas o fisiológicas del individuo. Por todas las características expuestas y las mejoras de las que se espera disponer en un futuro no muy lejano, se espera que la Genética forense sea un elemento cada vez más poderoso en la resolución de diversos temas de interés judicial.

## BIBLIOGRAFIA:

- ALONSO, A., MARTÍN, P., ALBARRÁN, C., GARCÍA, P., FERNÁNDEZ DE SIMÓN, L., ITURRALDE, M. J., FERNÁNDEZ-RODRÍGUEZ, A., ATIENZA, I., CAPILLA, J., GARCÍA-HIRSCHFELD, J., MARTÍNEZ, P., VALLEJO, G., GARCÍA, O., GARCÍA, E., REAL, P., ÁLVAREZ, D., LEÓN, A. AND SANCHO, M. (2005). "Challenges of DNA profiling in mass disaster investigations". *Croat. Med. J.*, 46: 540–548.
- BRUNET, J. M. (2010). "El Supremo absuelve a un condenado por violación, exculpado por su ADN". *La Vanguardia* 2 Febrero 2010.
- BUDOWLE, B. AND VAN DAAL, A. (2009). "Extracting evidence from forensic DNA analyses: future molecular biology directions". *Biotechniques* 46: 339–350.
- BUTLER, J. M. (2005). "Forensic DNA typing". Elsevier Academic Press. Burlington (MA). USA.
- BUTLER, J. M. (2010). "Fundamentals of forensic DNA typing". Elsevier Academic Press. Burlington (MA). USA.
- FLORÍA, B. (2002). "El ADN confirma que el cadáver hallado en Salou es el de Tamara". *La Vanguardia* 2 Marzo 2002.
- FUNG, W. K. AND HU, Y.-Q. (2008). "Statistical DNA Forensic". John Wiley and Sons Ltd. Chichester: U.K.
- GOODWIN, W., LINACRE, A. AND HADI, S. (2007). "An introduction to Forensic Genetics". John Wiley and Sons Ltd. Chichester, England.
- GRAHAM, E. A. M. (2006). "Disaster victim identification". *Forensic Sci. Med. Pathol.* 2: 203–207.
- GRANT, B. (2010). "Slime and punishment". *The Scientist*, March, 27.
- HOUCK, M. M. AND SIEGEL, J. A. (2006). "Fundamentals of Forensic Science". Elsevier Academic Press. Burlington (MA). USA.
- JEFFREYS, A. J., WILSON, V. AND THEIN, S. L. (1985). "Individual-specific 'fingerprints' of human DNA". *Nature* 316: 76–79.
- JOBLING, M. A. AND GILL, P. (2004). "Encoded evidence: DNA in Forensic analysis". *Nat. Rev. Genet.* 5: 739–751.
- KAYE, D. H. (2010). "The double helix and the law of evidence". Harvard Univ. Press. Cambridge (MA). U.S.A.
- MARTÍNEZ, I. (2003). "Detenido un hombre por los asesinatos de Sonia Carabantes y Rocío Wanninkhof". *El País* 19 Septiembre 2003.
- MESTRES, F. Y VIVES-REGO, J. (2009a). "La utilización forense de la huella genética (secuencia del ADN o ácido desoxiribonucleico): aspectos científicos, periciales, procesales y sociales". *La Ley Penal* nº 61, Junio, 46–61.
- MESTRES, F. Y VIVES, J. (2009b). "Genética Forense: entre la tecnociencia y la imaginación". *Ludus vitalis* 17: 447–450.
- MICHAELIS, R. C., FLANDERS JR, R. G. AND WULFF, P. H. (2008). "A litigator's guide to DNA. From the laboratory to courtroom". Elsevier Academic Press. Burlington (MA). USA.
- POCH, R. (2009). "Dos gemelos, un robo y mucha confusión genética". *La Vanguardia* 20 Marzo 2009.
- PRINZ, M., CARRACEDO, A., MAYR, W. R., MORLING, N., PARSONS, T. J., SAJANTILA, A., SCHEITHAUER, R., SCHMITTER, H. AND SCHNEIDER, P. M. (2007). "DNA Commission of the International Society for Forensic Genetics (ISFG): Recommendations regarding the role of forensic genetics for disaster victim identification (DVI)". *Forensic Sci. Intern. Genetics* 1: 3–12.