

ARTÍCULO DE INVESTIGACIÓN

Herramientas de almacenamiento, cotejo y análisis de datos genéticos para la identificación forense en México

Metzeri Arumi Mendoza-Castellanos¹✉, Aurora Marcela Pérez-Flórez¹

¹Escuela Nacional de Antropología e Historia (ENAH)

✉ arumi_mendoza@hotmail.com

Datos del artículo

Cita: Mendoza-Castellanos Metzeri Arumi, Pérez-Flórez Aurora Marcela. 2023. Herramientas de almacenamiento, cotejo y análisis de datos genéticos para la identificación forense en México. Revista Digital de Ciencia Forense. 2(1): 61-81 pp.

Editor: Alexa Villavicencio Queijeiro.

Recibido: 25 marzo 2023.

Aceptado: 21 abril 2023.

Publicado: 24 abril 2023.

Resumen

México enfrenta una crisis forense con múltiples desafíos, entre ellos el retraso en la identificación de cuerpos resguardados en diversas instituciones públicas. La genética forense se ha revelado como una herramienta poderosa para abordar esta problemática, permitiendo la identificación de individuos con alta precisión a través del análisis de perfiles genéticos obtenidos de muestras de referencia de familiares de desaparecidos y de individuos no identificados. Se enviaron solicitudes de información a 36 instituciones: fiscalías estatales, la Fiscalía General de la República, Centros de Identificación Humana y la Guardia Nacional, con la finalidad de indagar sobre las herramientas que actualmente se utilizan para el almacenamiento, análisis y cotejo de datos genéticos. Este artículo discute los resultados y destaca la necesidad de establecer una coordinación y articulación entre las instituciones involucradas en la identificación de personas en el país, con la finalidad de asegurar la calidad de los perfiles genéticos y la credibilidad de los resultados obtenidos.

Palabras clave: genética forense, bases de datos genéticas, crisis forense, identificación humana.

Abstract

The forensic crisis that Mexico is going through, faces multiple challenges, one of which refers to the backlog in the identification of bodies held in various public institutions. Forensic genetics has emerged as a powerful tool to address this problem, allowing the identification of individuals with high precision through the analysis of genetic profiles obtained from reference samples of relatives of missing persons and unidentified individuals. Requests for information were sent to 36 institutions: state prosecutors' offices, the Attorney General's Office, Human Identification Centers, and the National Guard, to inquire about the resources that are currently used for the storage, analysis, and comparison of genetic data. This article discusses the results and highlights the need to establish coordination and articulation between the institutions involved in the identification of corpses in the country, in order to ensure the quality of the genetic profiles and the credibility of the results obtained.

Keywords: forensic genetics, dna database, forensic crisis, human identification.

Introducción

Dentro de las disciplinas que componen las ciencias forenses, se encuentra la genética forense. Esta rama de la biología y subespecialidad de la medicina legal utiliza técnicas genéticas y genómicas en contextos forenses para la procuración de justicia (1,2). A mediados del siglo XX, la genética comenzó a ser utilizada para resolver casos delictivos con la tipificación de los grupos sanguíneos ABO por Landsteiner (3,4).

Sin embargo, no fue hasta 1984 que la genética forense comenzó a consolidarse en el campo de las ciencias forenses gracias al descubrimiento realizado por el genetista británico Alec Jeffreys, quien observó que ciertas regiones no codificantes del ácido desoxirribonucleico (DNA por sus siglas en inglés) presentaban variaciones en minisatélites (VNTR's por sus siglas en inglés) entre individuos (3,4).

No obstante, debido a las características tan específicas con las que debía contar la muestra de ADN para lograr ser procesada mediante el análisis de VNTR's, la baja sensibilidad de esta misma y el riesgo del personal a la radioactividad en el proceso, con el paso de los avances técnico-científicos y la introducción de la técnica de amplificación por Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR por sus siglas en inglés), esta metodología fue reemplazada por otro tipo de marcadores genéticos, entre ellos, se encuentran las secuencias cortas de repetición en tándem (STRs por sus siglas en inglés), también conocidas como microsatélites (1).

Los microsatélites son regiones de ADN no codificantes que constan entre 1 a 6 pares de bases, en las cuales un fragmento se repite consecutivamente. Debido a que existe un alto grado de variación en el número de repeticiones entre individuos, estos marcadores permiten la individualización, siendo los más utilizados en el ámbito forense hasta la fecha (1,3). Adicionalmente, el análisis de los polimorfismos en cromosomas sexuales y en la región control del ADN mitocondrial ha sido de gran utilidad en este campo desde finales de la década de 1990 (3,5).

La caracterización de estos marcadores permite la obtención de un perfil genético, el cual debe ser resguardado y cotejado. Dependiendo de los objetivos y recursos disponibles, esta comparación puede llevarse a cabo con los perfiles genéticos almacenados en bases de datos provenientes de diversas fuentes, para su posterior interpretación e integración como prueba pericial en un proceso judicial (6,7).

Son diversas las herramientas empleadas para el almacenamiento y análisis de los perfiles genéticos. De acuerdo con Mestres y Vives-Rego (7), un banco de datos genéticos aplicado a contextos forenses se refiere a un espacio de almacenamiento capaz de albergar un conjunto amplio de perfiles genéticos pertenecientes a individuos relacionados con sucesos delictivos. Mientras que

una base de datos forense resguarda información genética poblacional que proporciona validez estadística a los resultados (7). Un ejemplo de esto es la base de referencia EMPOP, utilizada para las estimaciones de frecuencias en secuencias de ADN mitocondrial en casos forenses (8).

Por otra parte, un software se define como “una colección de programas, procedimientos, reglas y datos que controlan el funcionamiento de un sistema de cómputo” (9), tal es el caso del *software* DNA-VIEW (10). Los bancos, bases y softwares de datos genéticos han marcado un hito en los procesos de identificación humana y resolución de delitos. Mediante el análisis y comparación de perfiles genéticos, es posible obtener un *match* o coincidencia —parcial o total— que contribuya significativamente a las investigaciones, ya sea con fines judiciales y/o humanitarios (6).

Gracias a estas herramientas, el análisis de ADN es una práctica común en la investigación forense, y como resultado, el número y tamaño de las bases de datos genéticas han aumentado considerablemente con un gran potencial de expansión (11). Sin embargo, la utilidad de la información contenida en las bases de datos de ADN depende de una compleja cadena de acciones humanas que se ve afectada por limitaciones técnicas, científicas, organizativas y legales (12).

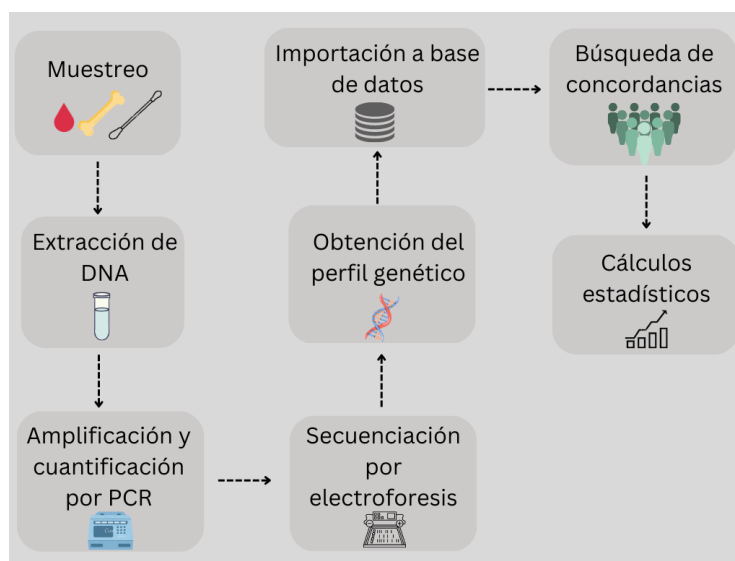


Figura 1. Procesos desde la toma de muestras hasta los cálculos estadísticos de la concordancia entre los perfiles genéticos.

En México, la implementación, gestión y uso de estas herramientas se ha dado de manera paulatina y desigual entre estados, sin lograr consolidar un esfuerzo nacional y unificado hasta la fecha. Con base en información recuperada de la página oficial del Gobierno de México —en la que los términos bancos, bases y softwares para el almacenamiento y análisis de datos genéticos se utilizan de forma indiscriminada—, los primeros registros que se tienen de

un banco de datos genéticos en el país se sitúan en 2004, en medio de la ola de violencia hacia las mujeres y niñas que se perpetuó en el norte del país.

La presión de generar respuestas específicas promovió la creación del Banco de Datos en Genética Forense (BDGF), en la Fiscalía Especial para la Atención de los Delitos Relacionados con los Homicidios de Mujeres en el Municipio de Juárez, Chihuahua (13,14). Destacando también, que esta fue la primer fiscalía en contar con una ley reguladora para el establecimiento de una base de datos genéticos (15).

Posteriormente, en 2008, la Coordinación General de Servicios Periciales fue designada para administrar una Red Nacional de Bases de Datos Genético-Forense. Sin embargo, en 2016, diversas instituciones gubernamentales reconocieron que al no estar completa y contar con poca coordinación entre las autoridades, dicha Red no satisfacía las necesidades forenses a las que se enfrentaba el país (16).

En septiembre de 2009, en el marco de la Iniciativa Mérida, Estados Unidos donó el *software Combined ADN Index System* (CODIS), que usa el *Federal Bureau of Investigation* (FBI, por sus siglas en inglés) para el almacenamiento, cotejo y análisis de perfiles genéticos. No obstante, fue hasta noviembre del 2011, que este entró en funcionamiento en algunos estados (6,17).

Un año después, en 2012, dentro de los acuerdos conciliados por el Consejo Nacional de Seguridad Pública en su Trigésima Tercera Sesión, se aprobó el Programa de Genética Forense, el cual tuvo por objetivo: “Fortalecer, entre otros, la Base de Datos de Perfiles Genéticos del Sistema Nacional de Información sobre Seguridad Pública, a efecto de constituirlo como una herramienta de investigación de las Instituciones de Procuración de Justicia” (18).

Asimismo, dicho Acuerdo fue retomado en 2015 para la elaboración del marco jurídico del Protocolo para el Tratamiento e Identificación Forense, en el cual se contempla una “base de datos de perfiles genéticos de desaparecidos”, buscando un alcance a nivel nacional, mediante la alimentación del CODIS (19).

De manera reciente, el incremento en las desapariciones forzadas de personas y el elevado número de cuerpos en resguardo de la fiscalía sin identificar impulsó el establecimiento de un marco jurídico relacionado con el almacenamiento y análisis de datos genéticos. Como resultado de ello, se creó la Ley General en Materia de Desaparición Forzada de Personas, Desaparición cometida por Particulares y del Sistema Nacional de Búsqueda de Personas (en adelante Ley General) (20), publicada en 2017, en la cual se estipula la creación del Banco Nacional de Datos Forenses (BNDF) (Art. 48°, 2017).

Como lo señala la Ley General, el BNDF estará constituido por “las bases de datos de los registros forenses de la Federación y de las Entidades Federativas, incluidos los de información genética, los cuales deben estar interconectados en tiempo real” (Art. 119°, 2017). En la sección de datos genéticos, dicho repositorio deberá contemplar como mínimo lo siguiente:

La información genética de los Familiares en primer grado en línea recta ascendente o descendente, o segundo grado en línea colateral, de las Personas Desaparecidas y No Localizadas, conforme se requiera, y la información genética de terceras personas en los casos en que así lo requiera la autoridad ministerial o judicial que corresponda, como datos o medios de prueba (Art. 124°, 2017).

Es importante destacar que, de acuerdo con los Artículos 108° y 122°, tanto las muestras biológicas como los datos genéticos que se proporcionen tendrán como único fin la identificación de Personas Desaparecidas o No Localizadas. Mientras que, en el artículo 127°, se establece que el tratamiento de los datos personales se hará de acuerdo con las disposiciones jurídicas aplicables en materia de transparencia y protección de datos personales, así como de los derechos humanos reconocidos en la Constitución Política de los Estados Unidos Mexicanos, los Tratados y otros acuerdos con las instituciones internacionales en caso de intercambio transfronterizo.

Sin embargo, pese a la puesta en marcha de la Ley General en el 2017 y la obligatoriedad de la Fiscalía frente al BNDF, el 31 de diciembre del 2021, el Juzgado de Distrito Décimo Primero en materia administrativa en Ciudad de México, admitió una demanda de amparo contra la Fiscalía General de la República (FGR) por la omisión de crear el Banco Nacional de Datos Forenses (BNDF). La demanda de amparo fue presentada por Olimpia Montoya, hermana de Marco Antonio Montoya Juárez, quien desapareció en Celaya, Guanajuato, el 18 de marzo de 2017, acompañada por el Centro de Derechos Humanos Miguel Agustín Pro Juárez (Centro Prodh).

En ella se reclaman diversas afectaciones a su derecho a la verdad y justicia ocasionadas por la falta de creación y operación del BNDF (21). Como resultado de la demanda, el 5 de octubre de 2022 el Juez Primero de Distrito del Centro Auxiliar de la Novena Región con sede en Zacatecas, emitió una sentencia para que la FGR implementará el BNDF en un plazo de 40 días hábiles (22).

Sin embargo, y a pesar de la gran necesidad de la creación y funcionamiento del BNDF para lograr que las víctimas directas e indirectas de desaparición accedan a su derecho de verdad, justicia y reparación integral que marca la misma Ley General (Art. 5°, fracción II, 2017), fue hasta marzo de 2023 que la FGR anunció la puesta en marcha de esta base nacional.

Durante la audiencia pública 186 de la Comisión Interamericana de Derechos Humanos (CIDH) celebrada el 10 de marzo de 2023, la FGR anunció que el BNDF se encontraba en operación. Según lo comunicado, el BNDF opera actualmente con las bases y registros forenses disponibles en la Fiscalía, los cuales se integran a través de un motor de búsqueda que permite su vinculación y comunicación (23).

Con el objetivo de lograr la interconectividad a nivel nacional, la FGR ha diseñado un plan de trabajo en cuatro etapas. La primera etapa consistió en el

arranque del proyecto, mientras que la segunda etapa se centra en la integración de las bases de datos de las instituciones de procuración de justicia federal y estatal. Actualmente, se está trabajando en la implementación de esta fase, con la incorporación gradual de las fiscalías al BNDF. La tercera etapa contempla la integración de otras autoridades y la cuarta su consolidación (23).

La Fiscalía advierte de las dificultades operativas y técnicas para lograr la interconexión en tiempo real a nivel nacional, pues no todas las instituciones registran su información de manera uniforme y no todas cuentan con las capacidades tecnológicas para llevar a cabo la conectividad (23). Por lo tanto, es claro que el arranque reciente del BNDF, no garantiza al día de hoy (abril 2023) la operación del BNDF como lo demanda la Ley General.

Por otro lado, en la misma audiencia pública la Comisión Nacional de Búsqueda (CNB), junto con el Centro Nacional de Identificación Humana (CNIH), el Mecanismo Extraordinario de Identificación Forense (MEIF), los Centros Regionales de Identificación Humana de Coahuila y Jalisco y el laboratorio de identificación forense del Instituto Nacional de Medicina Genómica (INMEGEN), comunicaron el desarrollo de un plan independiente de la FGR abordado con una metodología con enfoque masivo, el cual contempla también el cotejo de perfiles genéticos (23). Como la ha definido la CNB, esta metodología *“supone la ejecución de procesos forenses a gran escala con el fin de comparar de manera masiva la información pericial que se obtienen, utilizando a la genética forense y a la dactiloscopia como las ciencias orientadoras que permiten reducir los universos de búsqueda para crear hipótesis individualizadas y al más grado alto de certeza confirmar con el resto de las ciencias forenses multidisciplinarias la identificación de una persona”* (20).

Como se comunicó en la audiencia pública, la CNB ha realizado acuerdos con seis fiscalías del país (12 fiscalías en proceso) y con la Guardia Nacional, para el intercambio de datos forenses, entre ellos perfiles genéticos de cuerpos o fragmentos de cuerpos sin identificar y familiares de desaparecidos, con el objetivo de comparar de manera masiva esta información (23).

Asimismo, la CNB a través de la realización de campañas nacionales de toma de muestras referenciales, está recuperando de manera adicional perfiles genéticos de familiares de personas desaparecidas en varios estados del país. Además, el INMEGEN estará encargado de realizar el análisis de muestras complejas, investigación básica en el área de genética forense y obtención de perfiles de muestras referenciales, para la confronta en las bases de datos (24).

Con base en lo anterior, esta investigación tuvo como objetivo indagar sobre las herramientas de almacenamiento, cotejo y análisis de datos genéticos utilizadas en México, con la finalidad de comprender los retos técnicos y metodológicos que tendrían que sobrellevar las diversas instituciones para asegurar que los perfiles genéticos ingresados a sus bases sean de calidad y que los resultados de las comparaciones tengan credibilidad.

Material y método

Por medio de solicitudes de información realizadas en el periodo de enero-julio de 2022 y de enero-marzo de 2023, a través del apartado del Sistema de Solicitudes de Información (INFOMEX) en la página web de la Plataforma Nacional de Transparencia (PNT), se recuperó la información correspondiente a diversos aspectos en materia de genética forense de las 32 Fiscalías de las entidades federativas del país, de la Fiscalía General de la República, del Centro Nacional de Identificación Humana (CNIH), de la Guardia Nacional y del Centro Regional de Identificación Humana (CRIH).

Las solicitudes de información se constituyeron de un cuestionario con 14 preguntas (enero-julio de 2022) y con 12 preguntas (enero-marzo de 2023), relacionadas con protocolos, acreditaciones y capacitaciones, muestras, bases de datos y perfiles genéticos (ver cuestionarios en Información Suplementaria S1 y S2). En caso de que la información recuperada no fuera suficiente en algún caso en particular, se enviaron nuevas solicitudes de información. Posteriormente, para el presente artículo, con base en la información recabada, se consultó acerca del funcionamiento de las herramientas de almacenamiento, cotejo y análisis de datos genéticos utilizadas en las instituciones consultadas.

Resultados

Herramientas para el almacenamiento de perfiles genéticos obtenidos a partir de muestras de referencia de familiares de desaparecidos y de muestras de individuos en calidad de desconocidos

Con base en las respuestas a las solicitudes de información, se logró mapear un total de 11 herramientas para almacenar datos genéticos, siendo las más comunes Excel, M-FISys y SmallPond. Destacando que en los casos de Aguascalientes, Durango, Guerrero, Quintana Roo, Tamaulipas, Tlaxcala y Veracruz, emplean más de una herramienta informática para esta tarea.

Al menos 11 estados comparten la misma herramienta (Excel) para almacenar los datos, siendo Aguascalientes, Chiapas, Colima, Durango, Morelos, Nayarit, Nuevo León, Oaxaca, Puebla, San Luis Potosí y Tamaulipas. Mientras Campeche, Estado de México, Yucatán y Guerrero y Veracruz hacen uso del *software* M-FISys y en Baja California, Chihuahua, Guerrero, Hidalgo, Sonora, Tabasco y Tamaulipas emplea SmallPond. Tanto Quintana Roo como Tlaxcala, utilizan DigiMed.

Por último, se identificó el uso de seis bases locales, empleadas en Aguascalientes y Ciudad de México (sisgen), Guanajuato (Banco de Genética del Sistema Web Estatal), Jalisco (Instituto Jalisciense de Ciencias Forenses utiliza ijcf16), Michoacán (Genapp), Veracruz (CoMuL-G) y Zacatecas (base de datos del Laboratorio de Genética).

Herramientas para la búsqueda de concordancias de perfiles genéticos obtenidos a partir de muestras de referencia de familiares de desaparecidos y de muestras de individuos en calidad de desconocidos

Al solicitar información respecto a las herramientas empleadas para la búsqueda de concordancias de perfiles genéticos, se encontró que se utilizan 14 herramientas informáticas diferentes, la mayoría de las cuales se usan también para el almacenamiento de perfiles genéticos.

La más empleada para este proceso fue SmallPond, presente en ocho entidades federativas (Baja California, Chihuahua, Guerrero, Hidalgo, Querétaro, Sonora, Tabasco y Tamaulipas). M-FISys y DNA-VIEW ocupan el segundo y tercer lugar. M-FISys se usa en siete entidades: Campeche, Estado de México, Guerrero, Nayarit, Nuevo León, Veracruz y Yucatán, mientras que DNA-VIEW se emplea en cinco estados: Chihuahua, Colima, Durango, Nuevo León y Tamaulipas. Este procedimiento se realiza de forma manual en Chiapas, Ciudad de México y Puebla. Únicamente San Luis Potosí y Morelos reportaron softwares que no habían sido mencionados previamente: Familias y Genética Forense Final, y ACCEDE respectivamente.

En la figura 2 se presenta un mapa que contiene los resultados obtenidos correspondientes a las herramientas de almacenamiento y búsqueda de concordancias utilizadas por las Fiscalías de las diferentes entidades federativas en México.

Herramientas para realizar cálculos estadísticos de las concordancias de perfiles genéticos obtenidos a partir de muestras de referencia de familiares de desaparecidos y de muestras de individuos en calidad de desconocidos

Para realizar los cálculos estadísticos derivados de las concordancias de perfiles genéticos se identificaron un total de 13 herramientas utilizadas por las fiscalías estatales, las cuales todas ya habían sido mencionadas en las respuestas correspondientes a almacenamiento y búsqueda de concordancias. Las herramientas Familias y Genética Forense Final fueron las más frecuentes. Familias es usada por 12 entidades: Baja California, Chiapas, Estado de México, Guerrero, Jalisco, Morelos, Nayarit, Puebla, San Luis Potosí, Sonora, Tabasco y Tamaulipas, y Genética Forense Final por siete entidades: Baja California, Campeche, Estado de México, Hidalgo, Oaxaca, Quintana Roo y San Luis Potosí.

De igual manera, se identificó que los estados de Chiapas y Zacatecas realizan este proceso de forma manual, en conjunto con el uso del *software* Familias y Excel respectivamente. Por último, es de destacar la presencia de las herramientas adicionales como PATPCR y YHRD, empleadas únicamente por Nuevo León, y de Patcan2 y Lrmix Studio utilizadas en Puebla (Figura 3).

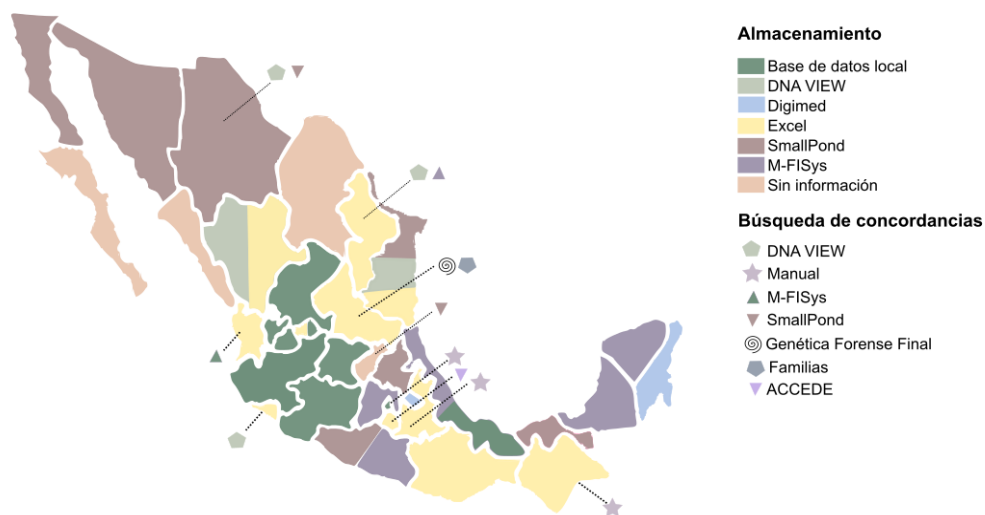


Figura 2. Herramientas de almacenamiento y búsqueda de concordancia de datos genéticos de muestras de referencia e individuos en calidad de desconocidos por las Fiscalías de las Entidades federativas en México. Elaboración propia a partir del Sistema de Solicitudes de Información (INFOMEX) de la Plataforma Nacional de Transparencia (PNT). Es importante señalar que con la finalidad de no reportar información confusa, los datos mostrados en el mapa reflejan las respuestas obtenidas en la segunda ronda de preguntas (enero-marzo 2023), aquellos que no cuentan con símbolo son entidades que utilizan la(s) misma(s) herramienta(s) para almacenamiento y búsqueda de concordancias de perfiles genéticos. 1) Chihuahua especificó que el sistema CODIS está en fase de implementación para ambos procesos. 2) Quintana Roo estableció que utiliza un formato CODIS en su base de datos DigiMed. 3) Puebla señaló que la implementación de CODIS está en su fase inicial.

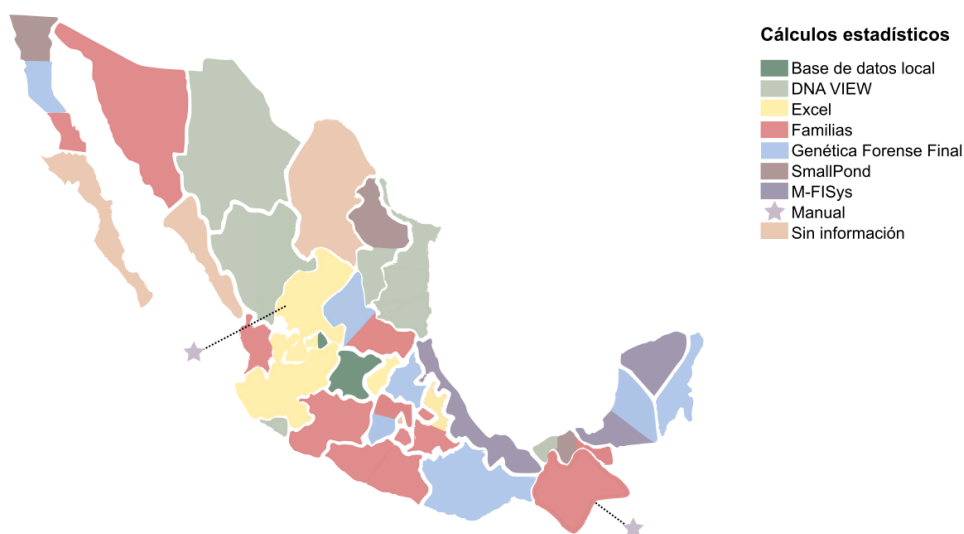


Figura 3. Herramientas de cálculos estadísticos de concordancias de perfiles genéticos de muestras de referencia e individuos en calidad de desconocidos por las Fiscalías de las Entidades federativas en México. Elaboración propia a partir del Sistema de Solicitudes de Información (INFOMEX) de la Plataforma Nacional de Transparencia (PNT). Es importante señalar que con la finalidad de no reportar información confusa, los datos mostrados en el mapa reflejan las respuestas obtenidas en la segunda ronda de preguntas (enero-marzo 2023).

Tabla 1. Descripción general de las herramientas informáticas más utilizadas para almacenar, cotejar y analizar datos genéticos por las Fiscalías de las entidades federativas en México. Elaboración a partir de (25,10,26,27,28,29).

Herramienta	Descripción general
Digimed ADN	DigiMed ADN es una herramienta para el almacenamiento y cotejo de perfiles genéticos autosómicos, marcadores al 50% y cromosoma Y. DigiMed cuenta con un eficaz sistema de trazabilidad, y al igual que M-FISys, es compatible con CODIS (este último utilizado por FGR).
DNA-VIEW	Creado por Charles Brenner, DNA VIEW es una herramienta informática de la cual su principal función es la de permitir la comparación y evaluación de perfiles genéticos para determinar similitudes y posibles relaciones familiares. DNA VIEW supone un software capaz de manejar grandes cantidades de información.
Excel	Microsoft Excel es una hoja de cálculo diseñada por primera vez a mediados de los años 80's, la cual es utilizada para realizar operaciones de cálculo, gráficas, tablas, entre otras. A pesar de no estar diseñado específicamente para albergar y/o cotejar datos genéticos con fines forenses, Excel ha servido como base para el desarrollo de sistemas de clasificación automatizada de perfiles genéticos.
Familias	El software Familias es un software de código abierto creado en 1995 por el Centro Computacional de Noruega. Familias es utilizado principalmente para calcular análisis probabilísticos en casos de paternidad, asimismo, cuenta con la ventaja de estar diseñado para trabajar con casos complejos, en donde se hayan presentado mutaciones genéticas.
M-FISys	Como su nombre lo indica, el Sistema de Identificación de Fatalidades Masivas (M-FISys por sus siglas en inglés), elaborado en 2001 para la identificación de las víctimas del desastre del <i>World Trade Center</i> , tiene como objetivo la identificación masiva por ADN de restos humanos. Por lo que representa una herramienta invaluable en casos complejos en donde hubo fragmentación de las estructuras óseas. M-FISys utiliza SNPs, mtADN y STRs para la identificación humana, mediante análisis de parentesco y de coincidencia directa.
SmallPond	SmallPond refiere a un software privado de comparación de perfiles de ADN, que permite crear y mantener una base de datos de perfiles de STRs. Asimismo, la arquitectura de SmallPond puede ser utilizada tanto para la identificación humana masiva como en investigación criminal. Adicionalmente, su aplicación es muy segura, pues fue diseñado con el fin de reducir el riesgo de que los perfiles genéticos se vean comprometidos.

Fiscalía General de la República, Guardia Nacional, Centro Nacional de Identificación Humana y Centro Regional de Identificación Humana

Para el caso de Guardia Nacional, en la segunda ronda de solicitudes manifestó no tener información al respecto de las preguntas planteadas, por lo que únicamente se cuenta con la información de la primera ronda de preguntas. En esta, se menciona que la Guardia Nacional utiliza el *software* SmallPond para almacenar y cotejar perfiles genéticos.

Por otra parte, se recuperó información de la Fiscalía General de la República, la cual señaló utilizar el *software* CODIS para las tareas de almacenamiento, búsqueda de concordancias y cálculos estadísticos de las confrontas. Asimismo, indicó que para el haplotipo del cromosoma "X" se emplea el *software* Familylink X, mientras que para el análisis de genoma mitocondrial, se utiliza la base referencial EMPOP.

El Centro Nacional de Identificación Humana respondió que al ser una institución de reciente creación, aún no se encuentra en funciones por lo que no cuenta con la información solicitada. Por otro lado, el Centro

Regional de Identificación Humana ubicado en Coahuila, estableció que para el almacenamiento y cotejo de perfiles genéticos cuenta con el software M-FISys. Por último, es de destacar que no se logró recuperar información de los Centros Estatales de Identificación de los Estados de Veracruz, San Luis Potosí y Jalisco, ya que la plataforma PNT no cuenta con la opción de enviar solicitud de información a las Comisiones Locales de Búsqueda de dichas entidades.

Intercambio y almacenamiento de perfiles genéticos obtenidos a partir de muestras de referencia de familiares de desaparecidos y de muestras de individuos en calidad de desconocidos

De acuerdo con la información obtenida a través de las solicitudes de información, se identificó que la mayoría de las entidades federativas reciben perfiles genéticos de otras entidades con la finalidad de realizar búsquedas de concordancias. Con excepción de Baja California Sur, Coahuila, Nayarit y Sinaloa, de las que no se logró recuperar información en la segunda ronda de preguntas o bien no se contestó a la pregunta en específico, y Campeche que dio una respuesta negativa.

Sin embargo, los procesos de almacenamiento y remoción de los perfiles que llegan de otras entidades son heterogéneos. En las entidades federativas de Aguascalientes, Chiapas, Colima, Durango, Estado de México, Guanajuato, Guerrero, Michoacán, Morelos, Jalisco, Puebla, Quintana Roo, San Luis Potosí, Sonora, Tabasco, Tlaxcala, Yucatán y Zacatecas, los perfiles genéticos provenientes de diferentes entidades se reciben con la finalidad de realizar confrontas y posteriormente se resguardan. Por otro lado, en Puebla se reciben perfiles de otras entidades federativas, pero al estar su base de datos en una fase inicial, no es posible realizar cotejos.

Mientras que en Baja California, Chihuahua, Ciudad de México y Veracruz fueron más específicos al detallar que los perfiles genéticos no son resguardados posterior a la confronta si el Ministerio Público no lo solicita. En las fiscalías de Hidalgo, Nuevo León, Oaxaca, Querétaro y Tamaulipas, no se almacenan los perfiles recibidos para futuras confrontas.

El resguardo o remoción de perfiles genéticos pertenecientes a un individuo identificado y sus familiares es otro ejemplo de la heterogeneidad en la gestión de datos genéticos entre los estados. La mayoría de las entidades federativas sigue resguardando estos perfiles en sus bases de datos, pero con una etiqueta diferente, a menos que reciban una orden ministerial que ordene lo contrario. Lo anterior no es el caso de las entidades federativas de Baja California, Chiapas, Chihuahua, Hidalgo y San Luis Potosí, quienes señalan que los perfiles genéticos de los individuos identificados y sus familiares son eliminados.

Discusión

El proceso de identificación de una persona requiere de la colaboración y el trabajo conjunto de diversas disciplinas para establecer su identidad de manera integral (30). Sin embargo, en la actualidad, los análisis genéticos se han convertido en una herramienta habitual para lograr este objetivo. En los últimos años, la implementación de una metodología con enfoque masivo por parte de instituciones como la CNB ha generado expectativas más elevadas en cuanto a los resultados de identificación que se pueden obtener mediante esta técnica (31,32).

Es indudable que los análisis de ADN son una herramienta eficaz en los procesos de identificación. Debido a su rigor científico y su alta fiabilidad, se han convertido en una herramienta útil para establecer la identificación de un individuo con una alta probabilidad de acierto. Además, la creación de bases de datos que comparan de manera masiva los conjuntos de datos que contienen genotipos de individuos desconocidos con información genética de familiares de personas desaparecidas, puede conducir a una identificación rápida y precisa de los cuerpos, idealmente en un plazo corto de tiempo (11,33,34).

Sin embargo, la eficacia en el análisis de perfiles genéticos para la identificación humana está relacionada con la disponibilidad de información completa de los individuos en ambos conjuntos de datos, como se ha demostrado en casos de desastres masivos (35). Un ejemplo de ello se encuentra en los casos del ataque a las Torres Gemelas ocurridos el 11 de septiembre del 2001 en Estados Unidos, donde después de 20 años, aproximadamente el 60% de las personas fallecidas han sido identificadas principalmente mediante análisis de ADN, lo que refleja la efectividad de esta herramienta en situaciones donde se cuenta con la información completa de los individuos (36).

Para que la información obtenida de los análisis genéticos sea confiable y útil, es esencial que los perfiles genéticos se cotejen en una base de datos nacional en tiempo real. Además, es fundamental que las muestras de ADN tomadas de diferentes fuentes, como cuerpos dubitados, muestras alternas y de referencia de familiares, sean de alta calidad. De lo contrario, la precisión de las identificaciones puede verse comprometida y dar lugar a resultados incorrectos o inconclusos (37,38).

Como se mencionó anteriormente, la generación de una base nacional de perfiles genéticos para la identificación de personas aún está en implementación y no está claro cómo la FGR o la CNB manejarán el intercambio de información entre ellas y las entidades federativas. Actualmente, el intercambio de perfiles genéticos se realiza mediante solicitudes del Ministerio Público, donde una fiscalía envía información para ser cotejada con las bases de datos de otra fiscalía.

En esta investigación se pudo corroborar que al menos 26 Fiscalías realizan estos cotejos siempre que exista una solicitud del Ministerio Público. Sin

embargo, se desconoce con qué frecuencia llegan estas solicitudes a los estados y de qué depende que el Ministerio Público realice la solicitud, así como cuáles son los desafíos de las familias al momento de solicitar este procedimiento.

Asimismo, al menos 15 Fiscalías mantienen almacenados los perfiles genéticos recibidos en sus propias bases de datos, incluso cuando no se han encontrado coincidencias con otros perfiles. Esto podría indicar que algunos estados cuentan con una base de datos que tienen el potencial de hacer comparaciones nacionales. Sin embargo, esto no garantiza que haya un intercambio continuo y eficiente de información entre las fiscalías de los diferentes estados.

Como se mencionó con anterioridad, actualmente la estrategia que sigue la FGR y la CNB para crear una base de datos nacional para la identificación de personas a través de perfiles genéticos, es la que está contemplada en la Ley General. La estrategia incluye la creación de una base centralizada la cual recibirá la información de las entidades federativas y de otros registros que en la ley se contemplan como herramientas (Artículo 48°) y estará administrada por la FGR en el caso BNDF, o por la CNB a través del CNIH.

En el caso de la CNB, se asume que ingresarán a la base de datos solo los perfiles genéticos de las instituciones con las que se establezcan acuerdos de colaboración. Sin embargo, ante el anuncio de la FGR de la puesta en marcha del BNDF, aun no se esclarece si la estrategia de la CNB de establecer convenios con las Fiscalías seguirá su curso y quiénes estarán obligados a realizar este intercambio de información con la CNB, al margen de los cotejos que pueda realizarse a partir del BNDF.

Los resultados de esta investigación han evidenciado que el punto de partida para las instituciones como FGR y CNB, es la heterogeneidad de las herramientas de información para almacenar, cotejar y analizar la información genética que actualmente se usa en los diferentes estados ¿La heterogeneidad de bases, bancos y *softwares* es un inconveniente para un cruce masivo de datos genéticos a nivel nacional?

En el marco del régimen de Prüm de la Unión Europea, se ha demostrado que es posible el intercambio de información genética, incluso si las bases de datos nacionales utilizan diferentes *softwares* de comparación. Este es el caso de países como Alemania, Austria, Dinamarca, Francia, Luxemburgo y el Reino Unido, que utilizan sistemas de desarrollo propio a diferencia del *software* CODIS (33,39). Es importante destacar que el modelo de intercambio no contempla una base de datos centralizada, sino que las bases de datos nacionales de cada Estado miembro deben estar disponibles para el resto de los países signatarios del acuerdo.

Para lograr que los perfiles genéticos se comparen entre sí de manera efectiva, a pesar de las diferencias en cada país, los Estados europeos deben configurar sus bases de datos de acuerdo a los requerimientos técnicos y administrativos exigidos. Entre estas exigencias se encuentran la integridad y

seguridad de datos, el uso del conjunto estándar mínimo de loci acordado y el cumplimiento de estándares de calidad comunes para la producción de perfiles (33).

Por lo tanto, el problema de la heterogeneidad en las herramientas de almacenamiento, cotejo y análisis de datos genéticos en México plantea problemáticas normativas, técnicas, políticas y económicas, que deben subsanarse para concertar criterios mínimos de homogeneidad que faciliten el intercambio de información genética y garanticen la credibilidad de los resultados. A continuación, se reflexionará sobre algunas de estas problemáticas.

Marco normativo

A la fecha no existen lineamientos sólidos acerca de cómo se realizará el intercambio de datos en materia de genética forense en el país ante el panorama de múltiples instituciones que cuentan con perfiles genéticos tanto de familiares como de cuerpos o fragmentos de cuerpos sin identificar. La Ley General establece que:

El BNDF debe estar interconectado con las herramientas de búsqueda e identificación previstas en esta Ley que conforman el Sistema Nacional y ser actualizado en tiempo real, mediante personal designado y capacitado para ello. La información deberá ser recabada de conformidad con los protocolos correspondientes. El BNDF deberá realizar cruces de información de manera permanente y continua con el Registro Nacional y el Registro Nacional de Personas Fallecidas y No Identificadas, así como con otros registros que no forman parte del Sistema Nacional que contengan información forense relevante para la búsqueda de personas. La Fiscalía emitirá los lineamientos para que las autoridades de los distintos órdenes de gobierno remitan dicha información de forma homologada. Estos lineamientos se elaborarán considerando la opinión de autoridades competentes y expertos en la materia y de acuerdo a estándares internacionales (Artículo 119°, 2017).

A la fecha las únicas entidades que cuentan con una ley para regular la creación de bases genéticas son Chihuahua (2009), Ciudad de México (2019) y Jalisco (2021). En términos generales, estas leyes establecen la creación de registros genéticos y las responsabilidades de los actores involucrados en los procesos de toma de muestras, análisis y administración de datos. Sin embargo, no abordan de manera específica el intercambio de información genética entre distintas entidades federativas, lo que puede generar incertidumbre y falta de claridad en el manejo de dicha información (12,40,41).

Asimismo, ninguna de las normativas actuales es puntual respecto a los procedimientos y responsabilidades en áreas tan fundamentales como la protección de los datos, inclusión y remoción de perfiles en las bases genéticas,

organización, administración, custodia y eventual traslado de datos, manejo de banco de muestras biológicas para análisis posteriores, e idoneidad de los laboratorios que llevarán a cabo los procedimientos de recolección y tratamiento de las muestras, entre otras cuestiones.

Esta falta de un marco normativo de intercambio de datos en México también complica la búsqueda e identificación de migrantes desaparecidos. A pesar de la reciente aprobación de los lineamientos del Mecanismo de Apoyo Exterior de Búsqueda e Investigación (MAEBI) por parte de México, aún queda por resolver cómo se llevará a cabo el intercambio de información, no solamente genética, en el contexto de este problema humanitario (42).

Aunque algunos países de Latinoamérica cuentan con bases de datos nacionales, la implementación de una estrategia regional se ve obstaculizada por limitaciones en cuanto a infraestructura y normativas, lo que impide la colaboración y el intercambio de datos entre los países. Es fundamental abordar estas limitaciones para establecer una iniciativa regional que permita la identificación de migrantes desaparecidos y fortalecer la respuesta a esta crisis humanitaria (43).

Quizás los puntos de mayor preocupación frente a la ausencia de una normativa son la protección de la información biológica al momento de los intercambios entre instituciones y la calidad de los datos que se van a cotejar. Esta no es una discusión nueva, cuando se publicó la creación del banco de datos forenses para la ciudad de México de delitos sexuales en el 2019, ya se advertía sobre las ambigüedades en el marco jurídico, así como la carencia de protocolos homologados a nivel nacional que garantizarán la confiabilidad de los datos (44,45,46).

Desafortunadamente, la seguridad de los datos en México ya ha sido puesta a prueba. A finales del 2021, en el reportaje “Traficantes de ADN” se dio a conocer que un laboratorio privado, denominado Central ADN, desde el 2016 tuvo acceso y copia de las bases genéticas de la FGR, Comisión Nacional de Seguridad, Policía Federal y fiscalías de los estados de algunos estados y, ofreció a familiares de personas desaparecidas, el cotejo de sus muestras a nivel nacional (47).

El laboratorio ofrecía sus servicios de análisis, resguardo y cotejo a los familiares de desaparecidos de manera gratuita. Sin embargo, a cambio del servicio, pedía a los familiares de desaparecidos hablar bien de sus laboratorios ante las autoridades. Así, el laboratorio celebraba convenios con fiscalías que les representaban millones de pesos por largos periodos de tiempo. El laboratorio llevaba más de ocho años recolectando y comercializando muestras de ADN por todo el país (47).

Otro aspecto que ha generado preocupación es la necesidad de garantizar que los datos de los perfiles genéticos se utilizarán únicamente con fines de identificación y que la información resultante de ellos se manejará de acuerdo con criterios éticos. El uso inapropiado de los datos genéticos puede

tener consecuencias negativas para los individuos y sus familiares, como la discriminación laboral, la exclusión social o incluso la violación de su privacidad (48).

Por lo tanto, es esencial contar con una normativa que garantice la protección y seguridad de los datos genéticos antes de iniciar el intercambio de información. Esta normativa debe asegurar el uso ético de los datos, así como la validez, calidad y confiabilidad de la información compartida. Solo así se podrá aumentar la credibilidad de los resultados derivados de los cotejos genéticos y, al mismo tiempo, proteger los derechos y la privacidad de los individuos y sus familiares.

Idealmente esta regulación debe ser desarrollada por expertos y en consulta con todas las partes involucradas, incluyendo los familiares de las personas desaparecidas y los defensores de derechos humanos. De esta manera, se podrá garantizar la transparencia, la equidad y el respeto a los derechos humanos en el uso de los análisis de ADN en la identificación de personas (48). Como hemos comentado a lo largo del artículo, en México la regulación de estos procedimientos sigue siendo una tarea pendiente.

Confiabilidad de los datos

La confiabilidad de los datos genéticos es un aspecto crítico al momento del intercambio. Datos incorrectos o inexactos pueden llevar a una identificación errónea o a la exclusión de una posible identidad. Una forma de garantizar la calidad de los datos genéticos, es a través de la acreditación de los laboratorios y la certificación de los peritos bajo normas nacionales e internacionales (49).

En México algunos laboratorios se encuentran acreditados por el *National Accreditation Board* (ANAB) o por la Entidad Mexicana de Acreditación (EMA), otros están en proceso de recibir dichas acreditaciones, mientras que unos pocos no se encuentran acreditados. De acuerdo con la presente investigación, en las solicitudes enviadas a mediados del 2022, se identificó que las fiscalías de los estados de Veracruz, San Luis Potosí y Quintana Roo, no contaban con una acreditación.

Además, es probable que varios de los perfiles que se encuentran en las bases de datos actuales se hayan realizado antes de adquirir estas acreditaciones. Por lo tanto, la acreditación de un laboratorio a nivel local no garantiza necesariamente la calidad de todos los perfiles genéticos que contienen la base para el inicio de los cotejos nacionales.

Asimismo, los datos genéticos deben ser verificados y sometidos a un riguroso control de calidad antes de ingresar a una nueva base de datos. Errores humanos como la contaminación de muestras, el mal etiquetado, las duplicaciones y el procesamiento inadecuado son comunes y deben ser eliminados mediante filtros de verificación en el nivel local y al ingresar a la base centralizada (37,49). Esto requiere de personal especializado solamente para las tareas de verificación.

También, debe asegurarse que los intercambios de información sean trazables y estén adecuadamente documentados y registrados. La trazabilidad de los datos se refiere a la capacidad de seguir el recorrido de la información genética a lo largo de todo el proceso de identificación, desde la toma de las muestras hasta la comparación y análisis de los perfiles genéticos (49).

En el panorama actual, donde varias instituciones cuentan con bases de datos genéticos, la trazabilidad se convierte en un aspecto crítico para garantizar la responsabilidad y transparencia de todas las partes involucradas en el intercambio de datos. En este sentido, es necesario establecer normativas claras y específicas que establezcan los protocolos de registro, almacenamiento y acceso a la información genética.

Recursos e infraestructura

La obtención de un perfil genético puede resultar costosa, especialmente en casos de tejidos degradados donde los costos pueden aumentar significativamente. Incluso en el caso de que existan regulaciones que garanticen la confiabilidad y protección de los datos, la inversión económica necesaria para acondicionar el equipo técnico-científico en todos los estados para llevar a cabo los intercambios bajo los estándares requeridos es masiva.

No todos los estados tienen el recurso suficiente para el procesamiento de todas las muestras o, para adquirir un software sofisticado para el análisis de las muestras o, para el resguardo de un banco de muestras para posteriores análisis. La CNB ha mencionado en diferentes oportunidades los apoyos nacionales e internacionales recibidos (23), sin embargo, estos apoyos no contemplan la adecuación de las fiscalías locales.

En un país con recursos limitados para la operatividad de los diversos procesos que incluyen la identificación de un individuo, llama la atención que no haya una preocupación mayor de los actores involucrados para coordinarse y disminuir la duplicidad de esfuerzos. Esta situación podría comprenderse desde la desconfianza que han señalado los familiares y la CNB hacia la fiscalía, pero no resulta menos perjudicial para el avance de otras instancias en el proceso de identificación que también requieren recursos económicos.

Asimismo, y dado los altos costos que conlleva la identificación por métodos genéticos, este procedimiento no debería usarse como el primer método para reducir el número de posibles candidatos. El análisis de otras variables (por ejemplo, perfil biológico, huellas dactilares, información de investigación preliminar, entre otras.), así como características individualizantes (por ejemplo, tatuajes, traumatismos, documentos de identificación, prendas de vestir, entre otras), pueden eliminar la necesidad de un análisis de ADN, reducir el universo de búsqueda y minimizar el riesgo de una identificación errónea (30,50,51).

Uno de los aspectos que llama la atención en el contexto de la heterogeneidad de sistemas de almacenamiento, cotejo y análisis, es la falta de claridad en la adquisición de ciertos softwares o bases de datos por parte de

algunos estados en el país. ¿Qué razones han motivado a los estados a tomar decisiones en cuanto a la adquisición de una base de datos en particular? ¿Dependen estas decisiones de donaciones, contratos a largo plazo con las compañías, entre otros factores? La heterogeneidad en este aspecto plantea interrogantes importantes sobre las garantías de transparencia y equidad en la utilización de estas herramientas.

Consideraciones finales

El panorama de la heterogeneidad de herramientas de almacenamiento, cotejo y análisis de perfiles genéticos en México es ciertamente complejo y representa un gran desafío para el intercambio de información genética a nivel nacional y en tiempo real. Además, la falta de transparencia en cuanto a cómo se llevará a cabo el intercambio entre instituciones y qué estrategia se seguirá —ya sea la del Banco Nacional de Datos Forenses o la propuesta por la Comisión Nacional de Búsqueda— agrega aún más dificultad a la situación.

Es crucial que se establezca un marco normativo detallado y eficiente para el intercambio de información genética, a fin de que los esfuerzos de identificación de personas desaparecidas en México sean más efectivos y las familias puedan acceder a sus derechos de verdad, justicia y reparación. Adicionalmente, un marco normativo adecuado garantizaría la protección de los datos genéticos y la privacidad de las personas involucradas en los procesos de identificación, evitando su mal uso o su divulgación indebida.

También, es fundamental que las instituciones encargadas de la búsqueda e identificación de personas desaparecidas en México sean transparentes en cuanto a la gestión de los datos que manejan. En particular, las familias de las víctimas de desaparición tienen derecho a conocer los procedimientos utilizados en el tratamiento de sus datos y los resultados obtenidos. Esto permitirá una evaluación adecuada de si los esfuerzos realizados, incluyendo una estrategia que implica una gran inversión económica como lo es la genética forense, están teniendo resultados efectivos.

De manera general, ambas rondas de solicitudes de información demostraron que la mayoría de las instituciones encargadas de la búsqueda e identificación de personas desaparecidas en México se encuentran en disposición de responder a las preguntas realizadas; sin embargo, hubo casos en donde no hubo respuesta, se proporcionó información confusa, o incluso, que de manera explícita no se obtuvo la información solicitada.

Un ejemplo de lo anterior es la Fiscalía General de la República, que en la última solicitud se amparó en la Ley Federal de Transparencia y Acceso a la Información Pública (LFTAIP) para no proporcionar información en las preguntas 1 y 2 del cuestionario, argumentando que su divulgación compromete la seguridad pública. Esta situación es preocupante, ya que evidencia la ineficacia

en los procesos de rendición de cuentas y transparencia, pilares fundamentales para garantizar la confianza de la ciudadanía en el Estado y sus instituciones.

Aunque México ha implementado una plataforma política y dispone de presupuesto tanto del Estado como de la cooperación internacional para fortalecer los procesos de búsqueda e identificación, se requiere una coordinación efectiva y transparente en el uso de los recursos económicos para garantizar resultados significativos en los procesos de identificación que las familias esperan.

Una gestión adecuada de los recursos humanos y económicos permitiría una búsqueda más eficiente y sistemática, así como la implementación de tecnologías y protocolos actualizados, que permitan y fomenten el acceso a los derechos de justicia, verdad, reparación y garantías de no repetición de las miles de víctimas directas e indirectas de la crisis forense en el país.

Agradecimientos

Agradecemos de manera especial a los revisores del manuscrito, por sus comentarios y recomendaciones, las cuales enriquecieron significativamente el trabajo publicado. Asimismo, agradecemos a las fiscalías estatales, la Fiscalía General de la República, la Comisión Nacional de Búsqueda y a los Centros Regionales de Identificación por sus respuestas a través de la Plataforma Nacional de Transparencia (PNT).

Expresamos nuestro agradecimiento a la Cooperación Alemana al Desarrollo Sustentable (GIZ), en particular al proyecto de Fortalecimiento del Estado de Derecho en México II (FED), por proporcionarnos la oportunidad de discutir y visibilizar la problemática. Es importante señalar que la información preliminar de este artículo fue recibida durante nuestra participación en dicho proyecto, por lo que valoramos profundamente el apoyo brindado por la GIZ-FED. Por último, deseamos expresar nuestra gratitud al practicante Joshua Eli Gutiérrez Bravo por su labor de recuperación de información durante la fase preliminar.

Información suplementaria

Información suplementaria S1. Cuestionario enviado al Sistema de Solicitudes de Información (INFOMEX) en la página web de la Plataforma Nacional de Transparencia (PNT) en el periodo de enero-julio 2022.

Información suplementaria S2. Cuestionario enviado al Sistema de Solicitudes de Información (INFOMEX) en la página web de la Plataforma Nacional de Transparencia (PNT) en el periodo de enero-marzo 2023.

Bibliografía

- Villavicencio A., Guardado M. El estado del arte de la genética forense en México. En: García Z, Bravo-Gómez M, editores. El estado del arte de las ciencias forense en México. 1a ed. Ciudad de México: Tirant lo Blanch; 2017; 231-42.
- Arenas M, Pereira F, Oliveira M, Pinto N, Lopes A.M, Gomes V, Carracedo A, Amorim A. Forensic genetics and genomics: Much more than just a human affair. Crandall KA, editor. PLOS Genetics. 2017; 13(9):e1006960. doi: 10.1371/journal.pgen.1006960
- Carracedo A. Forensic Genetics: History. En: Encyclopedia of Forensic Sciences. Elsevier. 2013; 206-10. doi: 10.1016/B978-0-12-382165-2.00037-4
- Jeffreys A.J, Wilson V, Thein S.L. Individual-specific 'fingerprints' of human DNA. Nature. 1985; 316(6023):76-9. doi: 10.1038/316076a0
- Vázquez S, Guardado M. El ADN mitocondrial: una alternativa útil para la identificación forense. identificacionhumana.mx. 2021.
- Torres G., López M, Villavicencio A. Análisis del DNA y su importancia en la crisis forense de identificación de cadáveres desconocidos. identificacionhumana.mx. 2022.
- Mestres F, Vives-Rego J. Bancos y bases de datos genéticos para usos forenses. Revista Poder Judicial. 2009.
- Weiler NE, Kirschner M, Rolf B. EMPOP-A forensic mtDNA database. Forensic science international. 2012;222(1-3):147-9. DOI: 10.1016/j.forsciint.2012.07.015. PMID: 22925972
- Boehm, B.W. Software Engineering: A Definition and Analysis. IEEE Transactions on Software Engineering, Vol. 1, No. 1, pp. 28- 38, April 1975. doi: 10.1109/TSE.1975.6312859.
- Sawaguchi T, Brenner CH, Sawaguchi A. Application of DNA•VIEW & PATER to a kinship paternity case. Rom J Leg Med. 1998;6(1):66-70
- Struyf, Pia, De Moor, S, Vandeviver, C, Renard, B, Vander Beken, T. The effectiveness of DNA databases in relation to their purpose and content: A systematic review. Forensic Science International. 2019; 301: 371–381. doi: 10.1016/j.forsciint.2019.05.052
- Patrick, P.J.M.H, Renard Bertrand, Jeuniaux, Leen Dubocage, Séverine Steuve, Caroline Stappers, Inès Gallala, Sabine De Moor, Alexia Jonckheere, Benjamin Mine, Beatrijs Vanhooydonck, Morgane Kempnaers, Christine De Greef, Pierre Van Renterghem y Vanessa Vanvooren. Managing forensic DNA records in a divided world: the Belgian case. Records Management Journal. 2015; 25(3):269-287. doi: 10.1108/RMJ-05-2015-0018
- Procuraduría General de la República. Informe de rendición de cuentas de la administración pública federal. 2000-2006. México; 2006.
- Plan Nacional de Desarrollo. 6° Informe de ejecución del PND 2001-2006 Apartado procuración de justicia. México; 2006.
- Congreso del Estado de Chihuahua. Ley reguladora de la base de datos genéticos para el Estado de Chihuahua. Mexico; 2009.
- Fiscalía General de la República. Establecen PGR, INE y CONATrib mecanismo conjunto para la identificación de personas desaparecidas. México; 2016.
- Procuraduría General de la República. 6to Informe de labores (2017-2018). México; 2013.
- Sistema Nacional de Seguridad Pública. Acuerdos aprobados por el Consejo Nacional de Seguridad Pública en su Trigésima Tercera Sesión. México; 2012.
- Procuraduría General de la República. Protocolo para el Tratamiento e Identificación Forense. México; 2015.
- Ley General en Materia de Desaparición Forzada de Personas, Desaparición Cometida por Particulares y del Sistema Nacional de Búsqueda de Personas. Diario Oficial de la Federación. Estados Unidos Mexicanos; 17 de noviembre de 2017.
- Centro de Derechos Humanos Miguel Agustín Pro Juárez A.C. CentroProh. Comunicado de Prensa: Poder Judicial revisará incumplimiento de FGR ante el rezago forense. 15 de marzo 2023.
- Tzuc, Efraín. Juez ordena a la FGR crear un Banco de Datos Forense en 40 días. [Internet] ZonaDocs, 24 de octubre 2022.
- Comisión Interamericana de Derechos Humanos. Avances y retos en la búsqueda forense en México. [Internet] Audiencia Pública 186, 6 al 10 de marzo de 2023.
- INMEGEN. Se inaugura el Laboratorio de identificación humana en el Instituto Nacional de Medicina Genómica. [Internet] Noticias INMEGEN 1 de febrero de 2023.
- D. Cash H, J. Hennessey M. Human Identification Software for Missing Persons, Scalable for a Mass Fatality Incident: Building on Lessons Learned Over the Course of a Major Disaster Victim Identification Project. 2004.
- Rapid DNA Matching at Global Scale | SmallPond. smallpondllc.com.
- Digimed, Sistemas para laboratorios. www.digimed.mx.
- Hedman J, Albinsson L, Ansell C, Tapper H, Hansson O, Holgersson S, et al. A fast analysis system for forensic DNA reference samples. Forensic Sci Int Genet. 2008 Jun;2(3):184–9. doi: 10.1016/j.fsigen.2007.12.011
- FAMILIAS: Software for analysis, customization and storage of mitochondrial DNA haplogroup profiles." Familias.
- Salado Puerto M, Abboud D, Baraybar JP, Carracedo A, Fonseca S, Goodwin W, et al. The search process: Integrating the investigation and identification of missing and unidentified persons. Forensic Science International: Synergy. 2021;3:100154. doi: 10.1016/j.fsisyn.2021.100154
- Yezka Garza Ramírez. Centro de Identificación Humana en Coahuila. www.youtube.com. 2021
- Karla Quintana Osuna. Identificación masiva en Méxic. www.youtube.com. 2021
- Triverio, Silvia Cristina, Crespillo Márquez, Manuel. La necesidad del intercambio transfronterizo de datos genéticos con fines de investigación criminal en América Latina: retos para su implementación. Revista Española de Medicina Legal. 2022; 48 (4): 158-165. doi: 10.1016/j.reml.2022.03.001.
- Da Silva Junior, Ronaldo C, Laryssa S.A. Bezerra, Cecília H.F. Matte, Selma L.S. Sales, Elza C.L. Oliveira, Laiana S. Beltrami, Bruno D.S. Morais, Vivian Altmann, Patrick B. Mallmann, Ethienne T. Figueiredo, Marcelo P. Mendes, Aline C. Minervino, Guilherme S. Jacques, Helena F. Monteiro, Christiane P. Cutrim, João C.L. Ambrósio. DNA databases as a tool to improve the search for missing persons in Brazil. Forensic Science International: Genetics Supplement Series. 2022; 8:167-169. doi: 10.1016/j.fsigss.2022.10.023.
- Budowle, Bruce, Bieber, Frederick, Eisenberg, Arthur. Forensic Aspects of Mass Disasters: Strategic Considerations for DNA-Based Human Identification. Legal medicine 2005; 7: 230-243. doi: 10.1016/j.legalmed.2005.01.001.
- Bradley Adams, Julia Warnke-Sommer, Jennifer Odien, Angela Soler. Victim identification and body completeness based on last known location at the World Trade Center. Forensic Science International. 2022; 340:111440. doi:10.1016/j.forsciint.2022.111440.
- Hennessey, Michael. Best practices in the development and effective use of a forensic DNA database for identification of missing persons and unidentified human remains. En: Angie Ambers, editor. Forensic Genetic Approaches for Identification of Human Skeletal Remains: Challenges, Best Practices and Emerging Technologies. Academic Press, Elsevier: Londres, 2023, p 379-397.
- Borovko, Sergey R, Korban Viktoryia V, Kritskaya, Svetlana V, Yeumenenka, Syargey A. Missing People: Problems of Identification of Unknown Bodies Using DNA Database. Forensic Science International: Genetics Supplement Series. 2009; 2(1):260-262. doi: 10.1016/j.fsigss.2009.08.123.
- Gill, P, Fereday, L, Morling, N, Schneider, P. M. The evolution of DNA databases. Recommendations for new European STR loci. Forensic Science International. 2006; 156(2-3): 242–244. doi:10.1016/j.forsciint.2005.05.036.
- Congreso de la Ciudad de México, I Legislatura. Ley por la que se crea el Banco de ADN para uso forense en la Ciudad de México. México; 2019.
- Gobierno de Jalisco. Ley que regula el registro de perfil genético para uso forense del Estado de Jalisco. Mexico; 2021.

42. Diario Oficial de la Federación. ACUERDO SNBP/001/2022 por el que el Sistema Nacional de Búsqueda de Personas aprueba los Lineamientos del Mecanismo de Apoyo Exterior de Búsqueda e Investigación. Mexico; 2022.
43. Da Silva Junior, R.C, Wirz, L. N, Solares Reyes, E, Del Moral Stevenel, M. A. Development of DNA databases in Latin America. *Forensic science international*. 2020; 316:110540. doi.10.1016/j.forsciint.2020.110540.
44. García-Castillo, Zoraida, López-Olvera, Carmen Patricia , López-Escobedo, Fernanda, Villavicencio-Queijeiro, Alexa, Loyzance, Chantal, Castillo-Alanís, Alejandra, Suzuri-Hernández, Luis Jiro. Elementos técnicos y racionales para la valoración de la confiabilidad de la prueba científica: referencia a tres áreas de la Ciencia Forense. *Insomnia - Revista de Teoría y Filosofía del Derecho*. 2020; 53:31-69. doi.10.5347/isonomia.v0i53.302.
45. Brena, Ingrid. Ley de Biobanco de ADN para Uso Forense de la Ciudad de México ¿Cumple con principios jurídicos? Instituto de Investigaciones Jurídicas, Universidad Nacional Autónoma de México. 2020.
46. Escuela Nacional de Ciencias Forenses. Conversatorio sobre la ley por la que se crea el Banco de ADN para uso forense de la Ciudad de México. Universidad Nacional Autónoma de México [Internet]. www.youtube.com. 2020.
47. Mónaco Felipe, Paula, Selene Pérez, Wendy. Investigación Especial. Traficantes de AND. *Aristegui Noticias*, 12 de diciembre 2021.
48. Parker, L. S, London, A. J, Aronson, J. D. Incidental findings in the use of DNA to identify human remains: An ethical assessment. *Forensic Science International: Genetics*. 2013; 7(2), 221–229.doi:10.1016/j.fsigen.2012.10.0.
49. Thompson, William C., *Forensic DNA Evidence: The Myth of Infallibility* (July 1, 2012). En: Sheldon Krinsky, Jeremy Gruber, editores. *Genetic Explanations: Sense and Nonsense*. Harvard University Press. 2013, p 227-337.
50. Equipo Mexicano de Antropología Forense (EMAF). La importancia del proceso de investigación forense en casos de desaparición forzada. México: Creative Commons; 2015.
51. García Deister, Vivette. Bases de datos genéticos: ¿mercancías o infraestructuras forenses?. México: ESTEPAIS; febrero 2022.