A blue-tinted image of a DNA double helix structure. A scalpel blade is shown cutting through one of the strands of the DNA. The blade is positioned diagonally across the frame, with the handle pointing towards the bottom left and the tip pointing towards the top right. The DNA structure is rendered in a semi-transparent, glowing blue color, with the two strands twisting around each other. The background is a light, hazy blue with some faint, darker blue shapes that could be interpreted as stylized figures or abstract forms. The overall composition is clean and modern, with a strong focus on the intersection of biology and technology.

# La genética utilidad en la admisión repercusión as

# Genética forense: Administración de la Justicia, Percepción social y Aspectos éticos

Los diccionarios oficiales de la Real Academia de Lengua Española no contienen la palabra forensia, que sin embargo es de amplio uso en el entorno jurídico. El término “forensia” se usa en la mayoría de los casos como equivalente a “ciencia forense” significando la aplicación de la ciencia (en su sentido más amplio) para responder a cuestiones legales y ayudar a la administración de la Justicia. Desde un punto de vista práctico la forensia se utiliza como una vía de autenticación de datos y hechos que tienen interés legal. El uso moderno del término “forensia” en vez de “ciencia forense” es considerado incorrecto por ciertos sectores de la jurisprudencia básicamente por dos motivos: i) la forensia en sentido amplio también implica campos no científicos como el arte y la misma jurisprudencia y ii) por ser el término “forensia” un sinónimo de legal o relacionado con los tribunales.

En cualquier caso, el contenido semántico de la expresión “genética forense” no es objeto de dudas y enmarca con gran precisión las aplicaciones de la genética a la administración de la Justicia. Hace referencia a la identificación de personas asociadas a procesos jurídicos.

A pesar de que la Genética forense es una especialidad que pasa por un momento álgido debido a su aparición casi constante en los medios de comunicación y en productos cinematográficos y televisivos, no sería del todo correcto afirmar que se trata de una especialidad nueva. Sus orígenes se pueden remontar a principios del siglo XX, cuando Landsteiner identificó el grupo sanguíneo ABO en los humanos (Jobling and Gill 2004; Mestres y Vives-Rego 2009a). El trabajar con grupos sanguíneos y otras proteínas similares tenían un problema grave, y es que las proteínas se degradan fácilmente, si no se toman precauciones especiales.

Un salto cualitativamente importante se produjo en 1984, cuando Jeffreys y el Forensic Science Service

## **Dr. Francisco Mestres Naval**

Profesor Titular de Genética.  
Profesor de Genética Forense.  
Departament de Genètica. Facultat de Biologia.  
Universitat de Barcelona.

## **Dr. Josep Vives-Rego**

Catedrático Emérito de Microbiología.  
Forense medioambiental.  
Departament de Microbiologia. Facultat de  
Biologia. Universitat de Barcelona.  
Col·legiat núm. 3320-C

del Reino Unido introdujeron los análisis del ADN en los estudios forenses (Jeffreys et al. 1985). El ADN es mucho más estable que las proteínas (por ejemplo, se puede recuperar ADN a partir de momias o de colillas de cigarrillos o incluso de los intestinos de ciertos insectos necrófagos que se han alimentado de un cadáver humano). Una ventaja adicional es que el número de variantes (científicamente denominadas polimorfismos) es mucho mayor que el que se obtiene, por ejemplo, con los grupos sanguíneos. Así por ejemplo, para el grupo sanguíneo ABO, como ya hemos visto, tan sólo existen cuatro tipos de variantes (grupos A, B, AB y O). Sin embargo, con un único marcador de ADN, de los muchos que existen (del orden de millares), se pueden obtener más de 70 tipos diferentes de variantes.

De los muchos marcadores genéticos, en la actualidad forense, se trabaja fundamentalmente con los STR, los SNP y el mtDNA, este último para algunas situaciones concretas (para más detalles puede consultarse Butler 2005 o Goodwin et al. 2007). Seleccionando una batería adecuada de dichos marcadores se obtiene un poder de discriminación tal que pueden identificarse personas de forma individual con una probabilidad de error despreciable. Se puede obtener el perfil genético de cada persona, que es lo que popularmente se ha denominado la “huella genética” al realizar un paralelismo terminológico poco afortunado con las huellas dactilares, pues el perfil genético personal no guarda relación con ellas.

La Genética forense tiene cuatro grandes áreas de aplicación. Estas son: la resolución de delitos graves (asesinatos, robos, etc.), la identificación de cadáveres (ya sea de personas desaparecidas, personajes históricos o producidos por una gran catástrofe), las pruebas de paternidad (o de cualquier tipo de parentesco) y finalmente la identificación de especies (o incluso individuos concretos pertenecientes a una especie determinada). En los siguientes apartados vamos a tratarlas.

## Resolución de delitos

El estudio de los perfiles genéticos individuales ha llevado a la resolución satisfactoria de muchos casos delictivos. Cuando se produce un delito se acorda el lugar de los hechos y los oficiales encargados de la investigación (debidamente protegidos para no contaminar la zona con su propio ADN) se encargan de recoger las muestras biológicas que consideren de interés. Habitualmente estas suelen ser sangre, semen o saliva, aunque también pueden ser cabellos, caspa u otros. Las muestras se guardan e identifican debidamente, iniciándose una cadena de custodia que culmina con la entrada del material al laboratorio forense para que realice el estudio del ADN. Dichos laboratorios deben estar acreditados y homologados, su personal debe ser experto y debe someterse a controles de calidad de forma habitual. El estudio del ADN para obtener el perfil genético de la persona que ha depositado la muestra en el lugar de los hechos implica el siguiente protocolo experimental:

1. A partir de la muestra se extrae y cuantifica el ADN.
2. Del ADN total obtenido se realiza la amplificación (obtención de muchas copias) de secuencias concretas (los marcadores genéticos deseados). Este proceso se lleva a cabo con la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) utilizando un termociclador y *primers* adecuados para ampliar únicamente los marcadores seleccionados.
3. Se estudia o el tamaño o la secuencia de los marcadores escogidos.

Con todo ello se puede obtener el perfil genético del individuo. En la actualidad el tipo de marcador más utilizado son los microsatélites (STR), en concreto nuestro país usa el sistema CODIS (*Combined DNA Index System*) que fue desarrollado a partir de 1996 por el laboratorio del FBI con la ayuda de científicos externos. Estos marcadores STR presentan unas características de transmisión genética, fiabilidad de análisis, estudio simultáneo además de automático y unos elevados niveles de discriminación que los hacen idóneos para los bancos de datos. El perfil genético obtenido en el lugar de los hechos puede compararse con el de los sospechosos (si es que existen). Para poder analizar su ADN basta con tomar una pequeña muestra de su sangre o un raspado del interior de la mucosa bucal mediante un hisopo especial (similar a un palito para las orejas). Posteriormente se aplica el protocolo experimental previamente descrito y se compara su perfil con el obtenido a partir de la muestra biológica recogida en el lugar de los hechos. Si no se tiene ningún sospechoso, el procedimiento a seguir es comparar el perfil procedente de la muestra con los almacenados de forma informática en los bancos de datos policiales (Mestres y Vives-Rego 2010). Estos contienen los perfiles genéticos de los delincuentes y puede ser que nuestro perfil coincida con alguno de los almacenados (lo que se denomina coincidencia o *'match'* en el argot de los especialistas). Por tanto podemos saber quien ha depositado la muestra biológica en el lugar de los hechos. La búsqueda en los bancos de datos policiales se empieza a nivel local, después nacional e incluso internacional. En cada país existen legislaciones diferentes sobre que tipo de delitos comporta haber de donar el

## Esquema de actuación



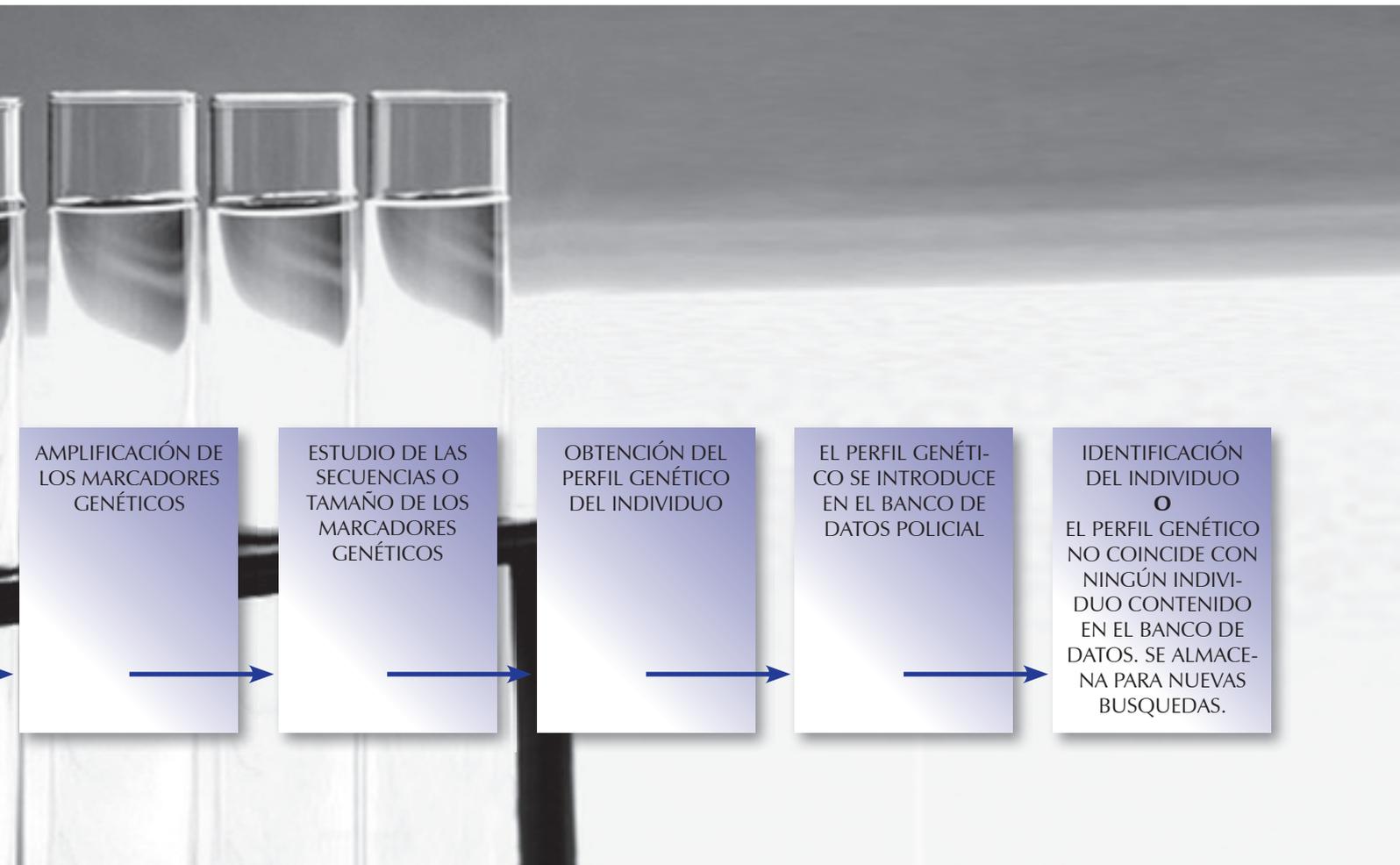
ADN para ser incluido en el correspondiente banco de datos policial. La otra posibilidad es que al realizar la comparación de perfiles usando los bancos de datos no aparezca ninguna coincidencia. En este caso el perfil genético de la muestra se guarda en un fichero diferente, a la espera que algún día, con la inclusión de más individuos en los bancos de datos policiales, pueda conocerse a que persona pertenece. Aunque se obtenga una coincidencia de perfiles se debe ser cauteloso e investigar convenientemente el caso, pues hace unos años se habían producido esporádicamente algún error de identificación debido al uso de un número limitado de marcadores STR. En la actualidad la utilización del sistema CODIS ha minimizado considerablemente los errores. Cuando se encuentra una coincidencia entre perfiles ('match') se debe cuantificar cual es la probabilidad de encontrar dicho perfil por azar en la población. Para realizar la estima de dicha probabilidad es necesario tener conocimientos de dos disciplinas científicas: la Genética de Poblaciones y la Estadística.

En el caso que nos ocupa, una descripción detallada de cómo calcular la probabilidad de obtener por azar el mismo perfil que el de un sospechoso en una población puede obtenerse en Butler (2005), Goodwin et al. (2007), Fung and Hu (2008) y Li (2008). Con el sistema CODIS la probabilidad de encontrar el mismo perfil genético por azar en la población está alrededor de 10-19, es decir, se trata de un valor extraordinariamente pequeño. Existen muchos ejemplos de casos judiciales resueltos mediante la genética forense que pueden encontrarse en Butler (2005), Houck and Sie-

gel (2006) y Goodwin et al. (2007). En España un caso destacado fue el del doble asesinato de Rocío Wankhof y Sonia Carabantes (Martínez 2003).

A pesar de ser una potente herramienta de investigación, la genética forense tiene sus problemas. Por ejemplo, no pueden distinguirse a los gemelos monocigóticos (gemelos idénticos) pues presentan exactamente el mismo perfil genético al provenir de una única fecundación (un mismo cigoto). Existe al menos un ejemplo de esta situación, un robo acaecido recientemente en Alemania y que la policía no puede atribuir a una persona concreta, a pesar de tener un perfil genético, al ser los sospechosos unos hermanos gemelos monocigóticos (Poch 2009). La única forma de distinguir dicho tipo de gemelos es mediante las huellas dactilares, que son diferentes, pues dependen de factores hereditarios pero también del ambiente del claustro materno. También debe tenerse en cuenta el caso de las personas con órganos transplantados, pues dichos órganos tendrán el perfil genético del donante. Por último, otra situación excepcional la constituyen las personas mosaico, pues parte de su cuerpo tendrá un perfil genético y parte otro.

Es muy importante realizar una valoración correcta de la información proporcionada por las pruebas de ADN. En general, la opinión pública acepta las evidencias generadas por el análisis de ADN como algo definitivo, seguramente debido a la influencia de los medios de comunicación, las series televisivas y las producciones cinematográficas. Ha de quedar muy claro que los perfiles de ADN, no aportarán ninguna información en lo



referente a por qué estaba dicha muestra biológica en aquel lugar, ni tampoco si el sospechoso llevó a cabo la actividad delictiva. Estas dos cuestiones deben responderlas otros peritos expertos en otras ciencias forenses y en cualquier caso decidir si el imputado es culpable o inocente corresponderá al juez (o jurado).

Sin duda alguna una fuente importante de error proviene de la interpretación de la probabilidad de encontrar por azar un perfil genético en la población (Balding and Donnelly, 1994; Goodwin et al. 2007; Michaelis et al. 2008). Esta situación puede ser frecuente cuando el responsable del caso no es experto en Genética de Poblaciones ni en Estadística. Dichos errores pueden agruparse en dos categorías, las denominadas falacias de la acusación y falacias de la defensa. La primera falacia consiste en una mala interpretación de la probabilidad por parte de la fiscalía. Explicado mediante un ejemplo sencillo, si un gato se define como un animal de cuatro patas no podemos hacer la transposición de que todo animal con cuatro patas es un gato. Fijémosnos en estas dos frases: “la probabilidad de obtener este perfil genético si proviniese de cualquier otra persona de la población que no fuese el sospechoso sería de 1 en 10 millones” (correcto) no es equivalente a decir que “la probabilidad de que el perfil genético provenga de cualquier otra persona que no sea el sospechoso es de 1 en 10 millones” (incorrecto). Finalmente se debe recordar que la coincidencia entre los perfiles genéticos es una evidencia más que permite establecer la culpabilidad del sospechoso. Así por ejemplo, si el defendido puede probar que en el momento en que sucedieron los hechos estaba en otro lugar, él es inocente del delito que se le imputa. Entonces existe otra explicación para la coincidencia entre su perfil genético y el obtenido en el lugar de los hechos, a pesar de que la probabilidad de encontrar dicho perfil por azar

fuese extremadamente baja. En cambio, la falacia de la defensa consiste en presentar que en la población existen varios individuos con el mismo perfil que el del defendido. De hecho se basa también en una mala interpretación del concepto de la probabilidad de encontrar un perfil genético por azar en la población. Por ejemplo, si en un caso concreto se ha estimado dicha probabilidad como 1 en 8 millones, la defensa puede realizar (erróneamente) el siguiente cálculo: “si la población española se estima en 40 millones de habitantes, entonces habrá en España 5 personas con el mismo perfil genético que el obtenido en la muestra biológica recogida en el lugar de los hechos, luego la probabilidad de que pertenezca al defendido es tan sólo de 1/5, la cual genera una duda razonable respecto a su culpabilidad”. Esta línea de razonamiento es errónea puesto que nada se conoce de estas supuestas cinco personas, incluso no se sabe si realmente existen. Caso de existir, no se conoce ni donde viven, ni su edad, ni su género ni mucho menos, que relación tienen con los hechos que se investigan. Como en el caso anterior, la falacia de la defensa proviene de una mala interpretación del concepto de la probabilidad de encontrar un perfil genético por azar en la población y ello lleva al error de interpretación. Que exista una cierta probabilidad de encontrar un cierto perfil genético en la población no implica que dicho perfil exista.

### Identificación de cadáveres

Otro ámbito de estudio importante es la identificación de cadáveres, ya sea de personas desaparecidas, de personajes históricos o bien de víctimas de grandes catástrofes. La identificación de personas desaparecidas puede mejorarse apreciablemente mediante el uso de marcadores genéticos. Al encontrar un cuerpo



debe verse si corresponde a una persona que se había dado por desaparecida. Los estudios tradicionales (huellas dactilares, patrón dental, etc.) pueden dar suficiente información, pero si el cuerpo está muy maltratado puede recurrirse al estudio de los marcadores genéticos. Estos pueden obtenerse a partir de la matriz dura de los huesos o de los dientes (Butler 2005; González-Andrade et al. 2005; Goodwin et al. 2007). Ambos tejidos contienen células (y por tanto ADN) que queda muy protegido. Existen una serie de protocolos de extracción del ADN fáciles a partir de estos tejidos humanos. El perfil genético que se obtiene del cuerpo puede compararse directamente con el de las personas desaparecidas (si es que se tienen, lo cual es relativamente fácil analizando cabellos de dicha persona que hayan quedado en su peine o de células de la mucosa bucal que estén en su cepillo de dientes) o bien a partir de familiares. Comúnmente se analiza el mtDNA, que se encuentra en grandes cantidades en el interior celular y que permite un estudio de genealogía al heredarse siempre por vía materna o loci STR especiales (miniSTR) que tienen una mejor amplificación que los estándar (Butler 2005, 2010; Goodwin et al. 2007; Mestres y Vives-Rego 2009b).

En el caso de la verificación de que un cuerpo exhumado pertenece a un personaje histórico se realiza la comparación de un marcador genético que será idéntico por descendencia al de familiares actuales (vivos). Existen dos tipos de marcadores genéticos que son muy útiles: el mtDNA, que se hereda por vía exclusivamente materna y los microsatélites del cromosoma Y, que se heredan únicamente por vía masculina. Un ejemplo típico del primer caso lo constituye la identificación de los restos mortales de la familia imperial rusa (Gill et al. 1994; Ivanov et al. 1996) y la confirmación de que la persona que en vida se hizo pasar por

la gran duquesa Anastasia (Anna Anderson-Manahan) era una impostora (Stoneking et al. 1995). Estos resultados fueron corroborados mediante el análisis adicional con STRs autosómicos y del cromosoma Y (Coble et al. 2009; Rogaev et al. 2009). Mediante el uso del mtDNA también pudieron identificarse los restos del conocido forajido norteamericano Jesse James (Stone et al. 2001). El análisis del mtDNA no está exento de problemas, así la heteroplasmia es una situación a tener presente. La heteroplasmia consiste en tener más de un tipo de mtDNA en un individuo. Esta variación no correspondencia estricta entre dos secuencias de mtDNA no implica que varias personas no estén relacionadas desde el punto de vista genealógico. Por otra parte, los loci STRs del cromosoma Y permitieron verificar que el presidente estadounidense Thomas Jefferson tuvo un hijo en su relación con la esclava Sally Hemmings (Foster et al. 1998).

Otra área fundamental de la Genética forense es el de la identificación de las víctimas producidas como consecuencia de grandes catástrofes, ya sean naturales (terremotos o tsunamis, por ejemplo) o producidas por el hombre (accidentes aéreos, derrumbamientos o atentados terroristas, por citar algunos). Se debe realizar una doble tarea: en primer lugar asignar todos los restos pertenecientes a una misma persona (si los cuerpos han quedado fragmentados) y después identificarla correctamente. Esta labor es de suma importancia para que las familias tengan identificados los correspondientes restos mortales para realizar el sepelio de sus seres queridos y además para temas legales como herencias o seguros. Para la correcta identificación de los restos mortales se genera un banco de datos específico, que deberá contener los perfiles de familiares o bien de las propias víctimas. Estos datos se cotejan informática-



mente con todos los perfiles procedentes de los restos. A lo largo de los años, la Genética forense ha realizado grandes avances en este campo al lograr obtener ADN a partir de restos muy degradados y además ser capaz de conocer su perfil genético. Algunas catástrofes en las que se han aplicado nuevas técnicas de Genética forense o se han desarrollado nuevos protocolos de actuación han sido, por ejemplo, el asalto del rancho Waco (Texas, 1993), los sucesivos accidentes aéreos de los vuelos TWA 800 (1996), Tupolev TU-154 (1996) y Swissair 111 (1998), los atentados del 11-S en Nueva York (2001) y del 11-M en Madrid (2004) y el tsunami del océano Índico (2004) (Butler 2005; Alonso et al. 2005; Graham 2006; Goodwin et al. 2007). Desde el punto de vista de la elaboración de ficheros de ordenador con los bancos de datos de perfiles genéticos y de la generación de programas informáticos para la identificación rápida y precisa de los restos humanos, los atentados del 11-S (2001) son una referencia obligada (Butler 2005; Alonso et al. 2005).

### Pruebas de paternidad

Un uso muy importante de la Genética forense es el de las pruebas de paternidad y de parentesco en general. Los procedimientos clásicos se centraban en el estudio de los grupos sanguíneos y otras proteínas. La introducción de los marcadores genéticos basados en el ADN han agilizado el proceso y aumentado el poder de discriminación. Al utilizar una batería extensa de marcadores moleculares (STRs) se puede afirmar con una probabilidad de error despreciable si un presunto padre es el padre biológico de una persona (Fung and Hu 2008). En este caso el uso de los STRs tiene un inconveniente que no se presentaba en la identificación de sospechosos en los casos criminales. Estos marcadores son muy variables (lo cual es una ventaja) pues presentan una tasa de mutación relativamente elevada. Existe la posibilidad de que se produzca una mutación en la línea germinal del padre y por tanto que el hijo tenga una variante alélica diferente de la que presentaba su progenitor. Por tanto, una sola diferencia entre el perfil del presunto padre y el del hijo no es causa inmediata de exclusión. Existen diferentes procedimientos analíticos y estadísticos que tienen en cuenta y valoran esta posibilidad.

Existen muchas compañías privadas que por precios relativamente asequibles realizan pruebas de paternidad. Un caso importante por sus repercusiones políticas fue la identificación del presunto hijo de Clara Rojas, colombiana secuestrada por la guerrilla. Al tra-

tarse de una situación de particular interés para Colombia, se realizó el estudio utilizando unos cincuenta loci STRs.

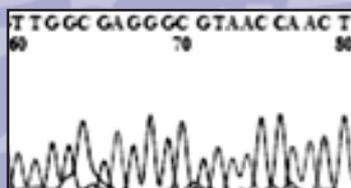
### La genética forense en otras áreas de la jurisprudencia

No queremos acabar esta nota sin mencionar de modo breve otras aplicaciones de la Genética forense en campos que no son las identificaciones humanas. Son sumamente interesantes las siguientes aplicaciones:

- Descubrimiento de fraudes alimentarios en los casos en que se comercializa una especie o variedad de pescado, de carne o incluso de verduras y frutas en sustitución de otra de inferior calidad, de menor precio en el mercado o de unas características animales o vegetales diferentes.
- Seguir la pista de traficantes ilegales de animales exóticos o en vías de extinción.
- La obtención del perfil genético individual de animales domésticos (perros, gatos y especies exóticas) (Butler 2010). Los pelos, resto dérmicos o corporales depositados por estos animales y de los que se puede obtener su ADN, pueden ser útiles para relacionar a un sospechoso con la escena del crimen.
- La identificación de un resto vegetal (indicando a qué especie o variedad pertenece) puede utilizarse para relacionar a un sospechoso con un delito o para ayudar a demostrar que un cadáver podría haber sido trasladado desde el lugar donde fue asesinado.
- Se está trabajando con los perfiles genéticos y la identificación de plantas individuales (como la marihuana, cocaína u otras sustancias estupefacientes de origen vegetal) que ocasionalmente están presentes en la escena del delito o simplemente para resolver cuestiones relacionadas con su tráfico ilegal (Butler 2010).
- Es posible identificar cepas de microorganismos que pueden ser empleadas con finalidades bioterroristas (Mestres y Vives-Rego 2009a). En los Estados Unidos se está dando un gran impulso a la investigación de la Genética microbiana en el ámbito de la forensia ambiental forense y desarrollando diferentes procedimientos para detectar la especie de microorganismo responsable de un ataque terrorista y deducir su origen.

Finalmente cabe decir, que la difusión y popularización a nivel de ciudadanía de la Genética forense y sus aplicaciones, tiene repercusiones sociales en la medida en que el ciudadano sabe que se le puede identificar con relativa facilidad si ha infringido la Ley. En este sentido la Genética forense constituye un elemento disuasorio del delito, protegiendo por tanto al ciudadano y a la sociedad de la delincuencia. 

Secuencia nucleotídica de un fragmento de DNA.



## Bibliografía

- ALONSO, A. et al., (2005). "Challenges of DNA Profiling in Mass Disaster Investigations". *Croat. Med. J.* 46: 540–548.
- BALDING, D. J. and DONNELLY, P. (1994). "The prosecutor's fallacy and DNA evidence". *Criminal Law Review* 711–721.
- 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.
- COBLE, M. et al., (2009). "Mystery solved: the identification of the two missing Romanov children using DNA analysis". *PLoS One* 4: e4838.
- FOSTER, E. et al., (1998). "Jefferson fathered slave's last child". *Nature* 396: 27–28.
- FUNG, W. K. and HU, Y-Q. (2008). "Statistical DNA Forensic". John Wiley and Sons Ltd. Chichester. U. K.
- GILL, P. et al., (1994). "Identification of the remains of the Romanov family by DNA analysis". *Nature Genetics* 6: 130–135.
- GONZÁLEZ-ANDRADE, F. et al., (2005). "El estudio de polimorfismos de ADN a partir de restos óseos y dientes y sus aplicaciones en la identificación de desaparecidos" *Ciencia Forense* 7:163–182.
- GOODWIN, W. et al., (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.
- HOUCK, M. M. and SIEGEL, J. A. (2006). "Fundamentals of Forensic Science". Elsevier Academic Press. Burlington (MA). USA.
- IVANOV P. L. et al. (1996) "Mitochondrial DNA sequence heteroplasmy in the Grand Duke of Russia Georgij Romanov establishes the authenticity of the remains of Tsar Nicholas II" *Nature Genetics* 12: 417–420.
- JEFFREYS, A. et al., (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.
- LI, R. (2008). "Forensic Biology". CRC Press. Boca Raton (FL). USA.
- 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 desoxirribonucleico): aspectos científicos, periciales, procesales y sociales". *Revista La Ley Penal* nº 61, Junio.
- MESTRES, F. y VIVES-REGO, J. (2009b). "Genética forense: entre la tecnociencia y la imaginación". *Ludus vitalis* 27: 447–450.
- MESTRES, F. y VIVES-REGO, J. (2010). "Bancos y bases de datos genéticos para usos forenses". *Poder Judicial* (en prensa).
- MICHAELIS, R. et al. (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.
- ROGAEV, E. et al. (2009). "Genomic identification in the historical case of the Nicholas II royal family". *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 106: 5258–5263.
- STONE, A. et al. (2001) "Mitochondrial DNA analysis of the presumptive remains of Jesse James". *J. Forensic Sci.* 46:173–6.
- STONEKING, K. et al. (1995). "Establishing the identity of Anderson Anna Manahan". *Nature Genetics* 9: 9–10.