

## IMPUGNACIONES DE ESTUDIOS DE ADN

---

### INTRODUCCIÓN

**E**n la Argentina, hace más de 15 años que la tecnología del ADN comenzó a utilizarse en los estudios de filiación, reemplazando gradualmente a la basada en la caracterización del Sistema Mayor de Histocompatibilidad (HLA). A partir del año 1992, la demanda de este tipo de estudios se amplió, incluyendo casos de criminalística en los cuales las características del material biológico a investigar impusieron al método exigencias adicionales<sup>1</sup>.

A lo largo de este período, la Unidad de Identificación por ADN del Cuerpo Médico Forense ha dictaminado en más de 450 casos provenientes de la Justicia Civil y 700 de la Justicia Penal. Entendiendo como “caso” todo aquel expediente judicial ingresado al Cuerpo Médico en el cual se requirieron estudios de ADN, sin importar la cantidad de análisis efectuados o el tipo de material biológico analizado.

El objetivo de este trabajo es analizar cuáles han sido las principales causas que motivaron pedidos de impugnación de pericias de ADN y discutir desde un punto de vista estrictamente técnico y académico la consistencia de los argumentos esgrimidos en ellas.

Prácticamente la totalidad de las pericias de ADN que originaron un pedido de impugnación corresponden a causas que tramitaban ante juzgados del fuero civil. El principal motivo para la realización de estudios de ADN en expedientes civiles es el de determinar la existencia de un vínculo de parentesco, que es alegado por una de las partes y rechazado por la otra. En la gran mayoría de los casos el tipo de vínculo alegado es el de filiación; sin embargo, no son pocos los expedientes en donde ante la imposibilidad de contar con material biológico del padre o madre alegados, resulta de interés determinar la probabilidad de parentesco entre hermanos, medios hermanos, abuelos y nietos, tíos y sobrinos, etc.

Es ampliamente aceptado que la información obtenida a partir de los estudios de ADN resulta sumamente valiosa y confiable a la hora de determinar la existencia de estos vínculos. Este hecho se pone claramente de manifiesto en el muy bajo porcentaje de impugnaciones de las que ha sido objeto este tipo de estudios. En efecto, menos del 5 % de las pericias de ADN llevadas a cabo por el Cuerpo Médico Forense, en los últimos 10 años, han generado en alguna de las partes la necesidad de presentar ante el Juez un pedido de impug-

*Armando M. Rennella,  
Graciela Eleta,  
Rosario Alicia Sotelo Lago*

nación. Aún así, no deja de ser relevante evaluar los motivos que suscitaron dichas objeciones con el fin de implementar en futuros estudios, de ser posible, las medidas necesarias para prevenirlas.

Un análisis de la evolución histórica de los pedidos de impugnación pone en evidencia una distribución irregular de los mismos a lo largo del tiempo, no dejando de ser significativo un marcado incremento durante el año 2005, en el que casi se triplicó el número de impugnaciones respecto del promedio de los años anteriores (Figura 1).

**Respecto de la toma de muestras**

*Estado de conservación de las muestras*

En el 22 % de las impugnaciones se esgrimió como motivo para invalidar los resultados de la pericia, la posibilidad de que el material biológico, a partir del cual se obtuvo el perfil genético de los involucrados en el expediente, hubiera sufrido algún tipo de degradación o contaminación durante el período de tiempo que media entre la extracción de la muestra y los análisis de laboratorio, de modo tal que

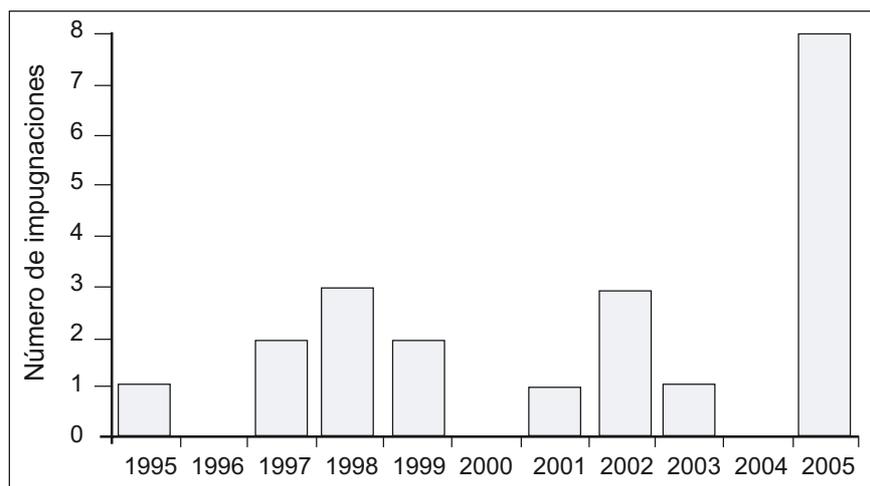


Figura 1. Variación histórica del número de pedidos de impugnación de estudios de ADN.

**RAZONES DE IMPUGNACIÓN**

Con el fin de realizar un relevamiento sistemático de los motivos que dieron origen a los pedidos de impugnación, estos se clasificaron según la etapa del estudio que fuera cuestionada. Para ello, se definieron las siguientes:

- Toma de muestras
- Cálculos estadísticos
- Informe pericial

se sostenía que los perfiles genéticos informados eran, por tanto erróneos.

En los casos de filiación, por lo general, las muestras para los estudios de ADN consisten en muestras de sangre fresca o hisopados bucales obtenidas y conservadas en condiciones adecuadas para prevenir su degradación. La conservación de las muestras puede rea-

lizarse congelando la sangre entera o manteniendo adecuadamente el ADN extraído de las mismas, lo que implica fundamentalmente preservar las muestras de la humedad. Al mismo tiempo, los análisis de laboratorio suelen iniciarse inmediatamente después de la extracción de dichas muestras, lo que disminuye aún más la posibilidad de contaminación y/o degradación.

La efectividad de la conservación de las muestras, por otra parte, queda demostrada en la obtención de perfiles genéticos completos. Ningún material biológico que haya sido afectado por procesos de degradación capaces de alterar las moléculas de ADN aptas para este tipo de estudios, provee la información genética que da lugar a la obtención de perfiles completos. Esto quiere decir que las técnicas de tipificación de ADN, no generan perfiles positivos falsos si existe degradación biológica que los entorpezca. Por el contrario, en el poco probable caso de degradación, simplemente no se obtienen resultados.

#### *Tipo de muestra biológica*

La obtención de perfiles genéticos a partir de muestras de hisopado bucal, en lugar de muestras de sangre, es otra de las causas que ha motivado pedidos de impugnación de alguna de las partes. La principal inquietud planteada es que los perfiles genéticos obtenidos a partir de este tipo de células no serían tan confiables como los obtenidos a partir de muestras de sangre. También se ha objetado que un perfil genético obtenido a partir de un hisopado bucal no podría ser comparado, para evaluar la probabilidad de un parentesco alegado, contra otro perfil obtenido a partir de muestras de sangre.

El ADN puede aislarse de casi todas las células del cuerpo humano, habiéndose demostrado en numerosas investigaciones forenses y de paternidad que aunque se haya aislado de diferentes tejidos o células, reproducirá para un dado individuo los mismos resultados. Esto es así porque la información genética identificatoria es idéntica en todas las células del cuerpo, provengan estas de la mucosa bucal o de la sangre<sup>2</sup>. Por lo tanto, el perfil genético obtenido a partir de células de la mucosa bucal de una persona, será idéntico al que se obtendría a partir de una muestra de sangre de ella misma. Así, no sólo es válido obtener un perfil genético a partir de células del epitelio bucal, sino también comparar entre sí perfiles genéticos obtenidos a partir de células provenientes de tejidos corporales distintos. De hecho, esto último es justamente lo que ocurre en los estudios de ADN en donde se requiere establecer la probabilidad de un vínculo de parentesco cuando una de las personas involucradas ha fallecido. En este tipo de situaciones es frecuente que el Juzgado interviniente autorice la exhumación del cadáver, a fin de obtener material biológico apto para la extracción de ADN, este material suele consistir en muestras de piel, músculo y hueso. Por lo tanto, en estos casos se obtiene un perfil genético a partir de tejidos diferentes del sanguíneo y dicho perfil es comparado con los obtenidos a partir de muestras de sangre de los parientes alegados que se encuentran con vida. Es probable que por haber sido incorporado tempranamente este tipo de tejidos a la práctica de ADN, este último tipo de estudios nunca haya motivado pedidos de impugnación basados en el hecho de que los perfiles comparados fue-

ran obtenidos a partir de tejidos corporales diferentes.

Una de las ventajas de la utilización del hisopado bucal en lugar de la extracción de sangre, para la obtención de perfiles genéticos, es que la primera es un tipo de técnica no invasiva, es decir no requiere punzar la piel ni la utilización de agujas, por lo que resulta especialmente recomendada en niños y recién nacidos. La obtención de la muestra se realiza raspando suavemente con un hisopo la cara interna de la mejilla, utilizándose en total entre 4 y 8 hisopos por persona<sup>3</sup>. El procedimiento es rápido y a diferencia de las muestras de sangre fresca el material colectado no es sensible al paso del tiempo ni a los cambios ambientales de temperatura.

#### *Posibilidad de intercambio de muestras*

Casi en el 33 % de los casos de impugnación se ha argumentado la posibilidad de un error en el rótulo, manipuleo o identificación de las muestras, de modo tal que los perfiles genéticos obtenidos a partir de las mismas no pertenecieran a las personas involucradas en la causa correspondiente. Resulta evidente que de constatarse dicho error, los resultados y las conclusiones periciales carecerían de todo valor, siendo necesaria la reiteración del estudio.

Es imprescindible, por lo tanto, instrumentar mecanismos que aseguren la correcta identificación de las muestras y prevengan de cualquier duda en la asignación, a las personas correspondientes, de los perfiles genéticos obtenidos.

El Cuerpo Médico Forense, adopta habitualmente una serie de recau-

dos para asegurar la identidad de las partes y la conservación y no adulteración de las muestras. Estos recaudos consisten en reservar impresión dígito pulgar derecha y firma de cada una de las personas involucradas en el estudio de ADN solicitado. Esta actuación consta en la orden de extracción que se entrega a la parte. La extracción de sangre se lleva a cabo en el laboratorio correspondiente, donde la conducta habitual consiste en: recepción de la mencionada orden de extracción y control de la identidad por medio del DNI, registro de firma y de una nueva impresión dígito pulgar derecha (que debe coincidir con la que consta en la orden de extracción). Por otra parte, además de la muestra de sangre en tubo para el estudio de ADN, se reserva una muestra de contraprueba en papel de filtro que también queda identificada por medio del registro de la impresión dígito pulgar derecha y firma.

#### *Ausencia de la contraparte en la toma de muestras*

A pesar de las ya mencionadas medidas para garantizar la identidad de las personas que se encuentran involucradas en los estudios de ADN. En un 28 % de las impugnaciones presentadas, se aducía como motivo para rechazar la pericia la falta de control durante la toma de muestras biológicas correspondientes a la contraparte

A menos que exista una situación de conflicto entre los involucrados, el Cuerpo Médico Forense tiene como práctica habitual, para brindar mayor seguridad respecto de la identidad de las muestras, convocar para un mismo día y horario a todas las personas implicadas en un expediente determinado, de modo tal que las partes puedan

estar presentes en la extracción de todas las muestras biológicas a ser analizadas. Sin embargo, ante la incomparecencia de alguna de ellas y para evitar la concurrencia reiterada de los demás involucrados, se procede a la extracción de las muestras biológicas de las personas presentes, las que permanecen en reserva hasta que se cuente con el total de las muestras necesarias para el estudio. Es decir, que sólo en los casos donde se registra la incomparecencia de alguna de las partes, se presenta la ausencia de control que es motivo de cuestionamientos. Pero en virtud de que, no existen motivos técnicos ni biológicos por los cuales se requiera la extracción simultánea de las muestras biológicas para un estudio de ADN, es posible afirmar que si están aseguradas la correcta identidad de las personas e identificación de las muestras, los resultados del estudio son absolutamente válidos. Sólo en los casos en que existe un pedido expreso por parte del Juzgado o ante la presencia de consultores técnicos nombrados por alguna o ambas partes, se reiteran las citaciones, dentro del marco de la ley CPCC, Cap. V, Sección VI, Art. 471; de modo tal de procurar garantizar la presencia simultánea tanto de los involucrados como de los consultores técnicos para concretar la extracción de muestras biológicas.

### **Respecto del informe pericial**

Existe una serie de aspectos técnicos y matemáticos que no son usualmente incorporados en el informe pericial a fin de brindar al Juez de manera clara y comprensible la información estrictamente necesaria para dar respuesta a los requerimientos por él solicitados

en el oficio correspondiente. En algunos casos, la ausencia de dichos aspectos motiva pedidos de impugnación de todo el informe, situación que suele resolverse elevando al Juzgado la información específica que es reclamada por alguna de las partes. Entre los elementos técnicos, cuya ausencia en el informe pericial ha motivado pedidos de impugnación o explicaciones figuran los siguientes:

- Detalles técnicos del trabajo de laboratorio.
- Tabla de frecuencias poblacionales.
- Fórmulas matemáticas utilizadas para el cálculo de los índices de parentesco.
- Imagen electroforética o electroferograma.

El Cuerpo Médico Forense conserva en sus archivos todos los antecedentes de cada expediente de modo tal que puedan ser remitidos al juzgado en caso de ser requeridos.

### *Error de lectura de los perfiles genéticos*

La posibilidad de que se produzcan errores de lectura de los perfiles genéticos es sin lugar a dudas un motivo de cuestionamiento que de comprobarse invalidaría las conclusiones obtenidas en la pericia de ADN. Potencialmente la probabilidad de fallas en la lectura aumenta cuando se obtienen perfiles a partir de muestras de material cadavérico que por lo tanto han estado expuestas a procesos de degradación biológica. Si bien es cierto que por avanzado que se encuentre el estado de degradación de una muestra, en caso de obtenerse perfiles positivos nunca estos serán erróneos; sí puede verse afectada como consecuencia del mal estado de conservación la

nitidez de la corrida electroforética. En estos casos sería posible que se cometan errores en la lectura de los perfiles genéticos. Efectivamente, en aquellos marcadores en donde no se detecte con claridad la banda de alguno de los alelos, se podría cometer el error de considerar al individuo como homocigoto, por omitir la lectura del alelo menos nítido. Esta circunstancia es más probable aún cuando se trata de alelos que ocupan posiciones vecinas ya que en estos casos la marca poco nítida de uno de ellos podría verse enmascarada por la del otro.

Sin embargo, aunque potencialmente existe la probabilidad de este tipo de errores, en la práctica casi no se han detectado errores de lectura. Por otra parte, el advenimiento de los secuenciadores automáticos ha reducido significativamente el margen de error de lectura en los estudios de ADN y cabe destacar que en el presente la mayoría de los laboratorios prestadores del Poder Judicial cuentan con este tipo de tecnología.

### **Respecto de los cálculos estadísticos**

#### *Interpretación de los resultados de la pericia*

Los estudios de filiación en donde se dispone de los perfiles genéticos de ambos padres y del titular son sin dudas los de interpretación menos compleja desde el punto de vista estadístico. Esto es así, en virtud de que para considerar la condición de progenitor, el padre o la madre alegados deben compararse con el titular al menos uno de los alelos en la totalidad de los marcadores genéticos analizados. Aún así, nunca es posible afirmar

con certeza absoluta la existencia de un parentesco porque es posible que exista otro individuo que comparta por azar los mismos alelos con el titular. Es por ello que se vuelve necesario que por medio de cálculos estadísticos se estime cual es la probabilidad de que esta segunda circunstancia tenga lugar<sup>4</sup>. Por otra parte, si el progenitor alegado no comparte alelos con el titular en algún marcador entonces sin lugar a dudas queda excluido del vínculo. Es decir, que si bien sólo es posible estimar la probabilidad de la existencia de un vínculo de filiación, sí se puede determinar de manera absoluta la ausencia de dicho vínculo.

Tal vez esta suerte de asimetría en los resultados de los estudios de filiación, sea la causa que genere confusión y pedidos de impugnación presentados por la parte actora, objetando que en el informe pericial se afirme de manera absoluta la exclusión del vínculo de filiación alegado en vez de establecer una “probabilidad de exclusión”.

En un sentido estricto basta la ausencia de coincidencia en un solo marcador para decretar la exclusión, sin embargo puede contemplarse con ciertos criterios la falta de coincidencia en más de uno o dos marcadores como máximo, porque existe la posibilidad, aunque baja, de que surjan diferencias genéticas entre padres e hijos como producto de mutaciones. Las mutaciones son alteraciones aleatorias de la estructura de las moléculas de ADN que pueden producirse por diversas causas. Si estas alteraciones tienen lugar en las moléculas de ADN que se encuentran en las gametas, es decir en los óvulos o en los espermatozoides, entonces serán transmitidas

a la descendencia que presentará, por lo tanto, en las zonas mutadas una información genética diferente de la de sus progenitores. En el caso de que por azar la mutación hubiera tenido lugar en un sector del ADN correspondiente a uno de los marcadores genéticos analizados en los estudios, se correría el riesgo de determinar la exclusión del vínculo de filiación entre dos individuos verdaderamente emparentados. Para que ello no ocurra, se adopta el criterio de confirmar una exclusión sólo cuando se detectan diferencias en la información genética en más de un marcador, excepcionalmente en dos. Esto es así, ya que la probabilidad de que se presenten mutaciones en tres de los marcadores genéticos analizados se considera prácticamente nula <sup>5</sup>.

Por lo general, como ya se ha dicho, en los expedientes civiles el tipo de vínculo alegado es el de filiación, sin embargo en ocasiones resulta necesario determinar la probabilidad de existencia de parentescos de segundo (hermanos) o de tercer grado (abuelo-nieto, tíosobrino, medios hermanos). En estos casos, también han sido presentados, con fundamentos erróneos, pedidos de impugnación refutando que no se hubiera establecido en el dictamen pericial la exclusión del vínculo, cuando se constataba en el estudio genético, la presencia de más de dos marcadores donde no había coincidencia de alelos entre el titular y el familiar alegado.

En un índice de parentesco de primer grado (paternidad), la incorporación al análisis estadístico de un marcador en el cual no aparece el alelo obligado, es decir aquél que debe estar presente en el titular porque no lo aporta el progenitor

reconocido y debe obligatoriamente ser aportado por el progenitor alegado para acreditar su vínculo biológico, significa introducir un cero en el cálculo de los productos y por lo tanto obtener como resultado, cero en el índice de parentesco. Esto último, como ya se ha dicho, conlleva automáticamente a establecer la exclusión del vínculo alegado. Por el contrario, en un índice de parentesco de segundo o tercer grado no se aplica la misma regla. En efecto, en el estudio de estos tipos de parentesco no existe el alelo obligado y en distinto número de marcadores (número que no puede predecirse) es factible no hallar similitudes entre los perfiles del titular y el pariente alegado. Para representar a tales sistemas en el análisis estadístico, se utiliza un número distinto de cero (0,25 en parentescos de segundo grado y 0,5 en parentescos de tercer grado) de modo que no se anule la posibilidad de la existencia del vínculo <sup>6</sup>. En otras palabras, el hecho de que no haya coincidencia entre los alelos de uno o varios marcadores genéticos, cuando el tipo de vínculo examinado es de segundo grado o tercer grado, no implica en modo alguno la exclusión de la relación, como sí ocurre cuando el parentesco analizado es de primer grado.

#### *Bajo índice de parentesco, reclamo de más marcadores*

En el 22 % de las impugnaciones presentadas, se sostenía que el índice de parentesco obtenido no era suficientemente elevado como para acreditar el vínculo alegado y que por lo tanto era necesario aumentar el número de marcadores genéticos utilizado. Esto quiere decir que la parte demandada entendía que no estaba suficientemente probado que no fueran pro-

ducto del azar las coincidencias encontradas entre los perfiles genéticos de los involucrados y que en consecuencia, aunque no era posible determinar la exclusión del vínculo alegado tampoco era posible afirmar la existencia del mismo.

Sin lugar a dudas, uno de los puntos claves en los estudios de parentesco son los criterios con los que se establece el valor mínimo a partir del cual un determinado índice de parentesco es considerado adecuado para no descartar la existencia del vínculo alegado. En otras palabras, es crucial definir con claridad y a priori del estudio genético, a partir de qué valor del índice de parentesco se considerará que la existencia del vínculo biológico se encuentra suficientemente probada. Los criterios para fijar estos valores no son en modo alguno arbitrarios y están sustentados en trabajos científicos reconocidos y aceptados en el ámbito académico internacional<sup>7,8</sup>. Es por ello que en este tipo de estudios no cabe una valoración subjetiva, muchas veces presente en las impugnaciones, sobre qué valor del índice es o no suficientemente elevado. Por otra parte, los valores mínimos que cuentan con respaldo de la comunidad científica son específicos para cada tipo de cálculo estadístico empleado. Esto quiere decir que el valor mínimo variará según el tipo de parentesco estudiado. Una confusión frecuente en las impugnaciones es esgrimir que el índice de parentesco obtenido en el estudio es menor que un valor de referencia aceptado en la literatura, sin contemplar si dicho valor de referencia esta propuesto para el mismo tipo de parentesco estudiado en la causa.

#### *Ausencia del perfil genético de uno de los progenitores*

En no pocos casos de filiación sólo es posible contar con muestras biológicas para obtener los perfiles genéticos del titular y del progenitor alegado. Esta circunstancia ha motivado pedidos de impugnación en donde se afirmaba que ante la ausencia de uno de los progenitores era imposible determinar la existencia o no del parentesco alegado.

La imposibilidad de contar con el perfil genético del progenitor reconocido, por lo general la madre, obliga a utilizar fórmulas estadísticas diferentes, ya que ante esta ausencia no es posible determinar en el perfil del titular cuáles son los alelos obligados, que como ya se mencionó, son los que necesariamente tuvo que haber aportado el progenitor alegado. Si bien es cierto que en estos casos los índices de parentesco alcanzados son siempre menores que cuando es posible contar con los perfiles genéticos de todos los involucrados, esto no quiere decir que sea imposible establecer con un grado de certeza adecuado la existencia o no del vínculo alegado.

#### *Invocar que un pariente del padre alegado sea el verdadero padre biológico*

En uno de los casos de filiación más controversiales, se impugnaba una pericia de ADN aduciendo que un hermano fallecido del padre alegado (cuyo perfil genético era imposible de obtener) era el verdadero padre biológico del titular. La pericia original basada en los perfiles genéticos del titular, la madre, el padre alegado había determinado que no era posible excluir el vínculo alegado por la par-

te actora, obteniéndose en los cálculos estadísticos respectivos un elevado índice de paternidad.

En los casos de filiación donde se dispone de los perfiles genéticos de los tres involucrados (titular, madre y padre alegado) cuando el padre alegado no queda excluido, se calcula la probabilidad de paternidad. Este indicador establece cuantas veces es más posible que el padre alegado sea el padre biológico, comparado contra cualquier otro individuo *no emparentado* elegido al azar. La probabilidad de paternidad no contempla por lo tanto la posibilidad de que un pariente del padre alegado sea el verdadero padre biológico. Es decir, que este indicador, como era aludido en la impugnación, no permitía establecer si el hermano fallecido del padre alegado tenía más posibilidades de ser el verdadero padre biológico del titular.

La evaluación de la hipótesis de que un hermano biológico del padre alegado, con cuyo perfil genético no se cuenta, sea el verdadero padre requiere de un tratamiento estadístico específico<sup>9</sup>. Este tratamiento disminuye la certeza de los cálculos realizados cuando no se contempla dicha hipótesis, pero no necesariamente impide llegar a un informe conclusivo. En estos casos es recomendable analizar la mayor cantidad de marcadores genéticos, ya que el aumento de estos permite aumentar el grado de certeza alcanzado con el estudio. Al mismo tiempo, si efectivamente el padre alegado no fuera el verdadero padre biológico, un aumento del número de marcadores genéticos analizados incrementaría la posibilidad de que se presenten las esperables exclusiones que confirman la ausencia del vínculo filial alegado en caso de que la hipóte-

sis presentada en la impugnación resultara verdadera.

#### *Uso de marcadores del cromosoma Y para un estudio de filiación*

El cromosoma sexual Y, sólo presente en el varón, contiene un conjunto de zonas específicas, de utilidad para la identificación. Estas zonas se transmiten en bloque y sin sufrir variaciones de una generación a otra, constituyendo linajes compartidos por todos los descendientes varones, que sólo pueden ser modificados por fenómenos mutacionales. Por ello se utilizan en la investigación de vínculos de paternidad, ya que todos los familiares biológicos varones del titular por vía paterna (padre, abuelo, hermanos, tíos, medio hermanos) deben presentar el mismo conjunto de marcadores Y, o haplotipo Y, que ostenta el titular. El empleo de los marcadores del cromosoma Y está recomendado en los llamados casos de paternidad deficiente, que están caracterizados por:

- La presencia de sólo el progenitor alegado (padre), con ausencia del no alegado (madre).
- El empleo para el análisis de la paternidad, de familiares del progenitor alegado (padre), por ausencia del mismo (fallecimiento, desaparición).

En estas situaciones, el análisis de los marcadores habituales (no sexuales o autosómicos) puede dar valores bajos del índice de paternidad y de la probabilidad de la paternidad, razón por la cual el empleo de los marcadores Y incorpora información de suma utilidad.

Por el contrario, se considera innecesario el uso de los marcadores del cromosoma Y en aquellos casos que no pueden definirse como de paternidad deficiente. Es decir,

cuando se encuentran presentes ambos progenitores y se obtiene en base a los marcadores autosómicos, valores del índice y la probabilidad de paternidad lo suficientemente elevados, que se correspondan con los de una paternidad prácticamente probada. En este último tipo de casos no resultan justificados los pedidos de impugnación en los que se solicita se incorporen los marcadores del cromosoma Y antes de determinar la exclusión o no de la paternidad alegada.

## DISCUSIÓN

Los análisis de ADN han incorporado un recurso de enorme utilidad a la administración de Justicia, sobre todo en el ámbito de los fueros Civil y Penal.

El grado de certeza que estas pruebas logran acerca de la asignación de identidad ha modificado jurisprudencia y hábitos judiciales de tal forma, que no se prescinde de ellos siempre que cabe su realización.

La sistematización y reproducibilidad que han logrado las técnicas de tipificación de ADN, parecen haber terminado con cualquier tipo de discusión sobre sus resultados si se respeta la normativa de selección y preservación de muestras y de procesamiento en laboratorio.

No obstante, la experiencia pericial utilizando exámenes de ADN, nos enfrenta a situaciones aún controversiales, como lo son la existencia de mutaciones o el cálculo estadístico para parentescos alejados.

Hacen a la misma experiencia pericial la contestación de solicitudes de impugnación que no se apoyan en controversias reales sino que

están fundamentadas muchas veces en argumentaciones fácilmente refutables. En efecto, menos del cinco por ciento de las impugnaciones contestadas por el Cuerpo Médico Forense en los últimos diez años, derivaron en pedidos, por parte del Juzgado, de reiteración o ampliación de los estudios. La contestación de estos pedidos de impugnación exige, sin embargo, cuidado en el cumplimiento de los pasos metodológicos para poder satisfacer las aclaraciones imprescindibles para el Juez.

## BIBLIOGRAFÍA

- 1.- Sotelo Lago, R.A.; G. Eleta y C. Gatti. 2001. ADN y medicina forense. Diez años de experiencia. Cuadernos de Medicina Forense. Año 1 Vol. 1: 1-18.
- 2.- Skoletsky, J.; A.P. Shuber; R. Balfour; R.C. Stern; H.L. Dorkin; R.B. Parad, D. Witt y K.W. Klinger. 1993. Multiplex PCR amplification from the CFTR gene using DNA prepared from buccal brushes/swabs. *Hum. Mol. Genet.* 2: 159-163.
- 3.- Bever, R.A.; M.A. DeGuglielmo y S. Creacy. 1993. Utilization of buccal cells for paternity testing. *Proceedings from the Fourth International Symposium on Human Identification*, Promega Corporation.
- 4.- Evett, I.W. and B.S. Weir. 1998. *Interpreting DNA Evidence: Statistical Genetics for Forensic Scientist*. Sinauer, Sunderland, MA 278 pp.
- 5.- Brinkmann, B.; H. Pfeiffer; M. Schürenkamp and C. Hohoff. 2001. The evidential value of STRs. *Int. J. Legal Med.* 114: 173-177.
- 6.- Wenk, R.E.; M. Traver and F.A. Chiafari. 1996. Determination of

- sibship in any two persons. *Transfusion* 36: 259-262.
- 7.- Huguet Rámia, H. 1999. Parámetros estadísticos en genética forense. Investigación de la paternidad. En Martínez Jarreta, M.B. (ed.), *La prueba del ADN en medicina forense*. Masson S.A., Barcelona, pp. 273-278.
- 8.- Hallenberg, C. and N. Morling. 2001. A report of the 1997, 1998 and 1999 paternity testing workshops of the English Speaking Working Group of the International Society for Forensic Genetics. *Forensic Science International* 116: 23-33.
- 9.- Lee, J.W.; H.S. Lee; M. Park and J.J. Hwang. 1999. Paternity probability when a relative of the father is an alleged father. *Science and Justice*. 39: 223-230.
-