

CUANTIFICACIÓN DE ADN DE CONTACTO EN INDICIOS BALÍSTICOS: DISCREPANCIAS TÉCNICAS

PROXIMITY DNA QUANTIFICATION IN BALLISTIC EVIDENCE: TECHNICAL DISCREPANCIES

Eduardo Murillo-López¹, Óscar Emmanuel Guerrero-Félix², José David Regalado-Barrera³,
Flor de María Trejo-Medinilla⁴, Nubia Maricela Chávez-Lamas², Claudia Hernández-Salas³.

Licenciatura en Ciencias Forenses, ACS¹, Medico Cirujano Dentista, UAO², Licenciatura en Enfermería, UAE³,
Licenciatura en Químico Farmacéutico Biólogo, UACQ⁴. Campus UAZ Siglo XXI, Universidad Autónoma de Zacatecas, México.

Correo electrónico: *eduardo.murillo@uaz.edu.mx



Resumen

Introducción. Este estudio se enfoca en la genética forense aplicada a un caso de homicidio, analizando la cuantificación de ADN en muestras de contacto obtenidas de casquillos de bala. Se examinan las discrepancias técnicas entre los niveles de ADN obtenidos y las características esperadas de las muestras de contacto. **Antecedentes.** El caso involucra a un menor de 17 años condenado por homicidio tras encontrarse ADN en tres casquillos de bala de 9 mm. La cuantificación de ADN reportada en los informes forenses de la fiscalía levantó sospechas debido a inconsistencias con los niveles normalmente esperados para ADN de contacto. **Objetivos.** El estudio busca evaluar la metodología empleada en los análisis de ADN, verificando la coherencia técnica y la validez de los resultados, así como las posibles omisiones o errores en los informes forenses. **Metodología.** Se realizó un análisis detallado de los dictámenes periciales de genética forense, evaluando la coherencia entre la cuantificación de ADN, el tipo de muestra analizada y la exposición a factores de degradación. Se compararon los resultados obtenidos con estudios previos sobre la degradación de ADN por calor y la cuantificación de ADN en muestras de contacto. **Resultados.** Las muestras analizadas presentaron cantidades de ADN significativamente mayores que las esperadas para ADN de contacto. Además, no mostraron signos de degradación térmica, lo cual no es coherente con la exposición de los casquillos a altas temperaturas durante la deflagración del arma. **Conclusión.** El estudio concluye que las muestras de ADN no corresponden a ADN de contacto, sino posiblemente a saliva, sugiriendo errores en la interpretación de las pruebas forenses originales. Esto cuestiona la validez de la condena basada en esta evidencia.

Palabras clave: cuantificación de ADN, hisopados bucales, rigor técnico, genética forense.

Abstract

Introduction. This study focuses on forensic genetics applied to a homicide case, analyzing the DNA quantification in touch DNA samples obtained from bullet casings. Technical discrepancies between the DNA levels and the expected characteristics of touch samples are examined. **Background.** The case involves a 17-year-old convicted of homicide after DNA was found on three 9 mm bullet casings. The DNA quantification reported in the forensic reports raised concerns due to inconsistencies with the levels normally expected for touch DNA. **Objectives.** The study aims to evaluate the methodology used in the DNA analyses, verifying technical coherence and the validity of the results, as well as possible omissions or errors in the forensic reports. **Methodology.** A detailed analysis of forensic genetics reports was conducted, evaluating the coherence between DNA quantification, the type of sample analyzed, and exposure to

degradation factors. Results were compared with previous studies on DNA heat degradation and touch DNA quantification. **Results.** The samples analyzed showed significantly higher DNA quantities than expected for touch DNA. Additionally, they showed no signs of thermal degradation, which is inconsistent with the exposure of the casings to high temperatures during the firearm deflagration. **Conclusion.** The study concludes that the DNA samples do not correspond to touch DNA but possibly to saliva, suggesting errors in the interpretation of the original forensic evidence. This questions the validity of the conviction based on this evidence.

Keywords: DNA quantification, buccal swabs, technical rigor, forensic genetics.

Introducción

En las ciencias forenses, la aplicación de la genética forense con fines de identificación humana, definida como la actividad de obtener perfiles genéticos a partir de ADN con aplicación en la impartición de justicia, ha permitido facilitar esta última actividad para señalar a una persona como la responsable de una acción tipificada como delito.

Sin embargo, se debe tener especial cuidado a la hora de la recogida de las muestras de sus soportes originales ya que, un mal muestreo puede desencadenar en pérdida de ADN traza o de contacto que se encuentre en éstos. Así mismo, la ausencia de ética en el desempeño de las funciones de servidores públicos puede incriminar a una persona, por ejemplo, el colocar deliberadamente fluidos biológicos de un detenido en indicios susceptibles de análisis genético.

La prueba desarrolla una función demostrativa en cuanto provee un fundamento cognoscitivo y racional para determinar si la versión es atendible y verídica. La prueba científica que no cuente con un grado elevado de probabilidad puede ser

útil cuando es favorable a la hipótesis de la inocencia, pues podría ser suficiente para confirmar la existencia de la duda razonable que, ante una probabilidad prevalente de culpabilidad, impediría que se imponga una pena (Taruffo, 2005) y que se cometa una injusticia. La objetividad pericial siempre implicará llegar a un conocimiento que describa y explique la realidad tal cual es y no como el sujeto supone o cree que es (Sabino, 1996), en oposición a las posturas subjetivas, ideológicas o dogmáticas.

Antecedentes

Se expone el caso de un menor de 17 años, mexicano, incriminado por el delito de homicidio calificado en el año 2023, al establecerse su participación en el hecho tras encontrarse residuos biológicos, específicamente ADN de contacto, en 3 de los 9 casquillos calibre 9 mm procesados en el lugar del homicidio. Una vez que estos indicios se analizaron en el Laboratorio de Genética Forense de una fiscalía de la zona occidente de México, se concluyó que el ADN encontrado en esos 3 casquillos (casquillo 1, casquillo 3 y casquillo 6) tenía el mismo origen biológico que el perfil genético obtenido del menor

de 17 años y que, por lo tanto, él había sido el responsable del homicidio con la consecuente condena que se paga con prisión corporal.

En marzo de 2024, mediante requerimiento del defensor particular del menor de 17 años, solicitan la intervención de un experto en genética para analizar la coherencia general de la prueba, el rigor técnico-científico y la validez de las conclusiones.

Objetivos

- Examinar la metodología empleada en la prueba de Genética Forense.
- Verificar la validez de los resultados vertidos en los informes de Genética Forense del caso en cuestión; a partir de la coherencia, rigor técnico, discrepancias u omisiones encontradas.

Metodología

Se realizó un análisis teórico técnico en Genética Forense acerca de la coherencia general de la prueba, características del contenido pericial, el rigor técnico y la validez de las conclusiones de los informes que se examinaron.

Se valoró tanto la metodología empleada, así como la concordancia, presencia o ausencia de discrepancias, omisiones y/o errores que se encuentren en diversos apartados o epígrafes de los informes que se examinaron.

Resultados

Los dictámenes en materia de genética forense incluyen el método empleado para llegar a una conclusión sólida y prácticamente irrefutable, siendo éste la etapa de extracción de ADN, cuantificación de ADN, amplificación por PCR múltiple, detección de polimorfismos por Electroforesis Capilar y, por último, un análisis e

interpretación estadístico generado por un software exclusivo para tal fin.

El estudio se centra en el análisis de los resultados de cuantificación para explicar la congruencia que éstos presentan de acuerdo al tipo de muestras analizadas, es decir, si hay un razonamiento lógico y coherente al tratarse de ADN de contacto (DNA touch). Se explica a continuación a lo que se hace referencia.

Las superficies de contacto **no** siempre son óptimas, resultando en algunos casos muy complejas tanto la recogida de restos epiteliales como su analítica, siendo frecuente la obtención de electroferogramas de difícil evaluación (Hombreiro, s.f). Una de las dificultades puede ser cuando la superficie de depósito de los restos biológicos es muy reducida. En objetos de muy pequeño tamaño sobre los que el contacto o fricción es leve, puede ser complicada tanto la recogida de muestra como la interpretación de los resultados, tratándose en casi la totalidad de los casos de muestras con bajo número de copias de ADN y por consecuencia con electroferogramas de compleja evaluación y asignación alélica (Raymond *et. al*, 2004).

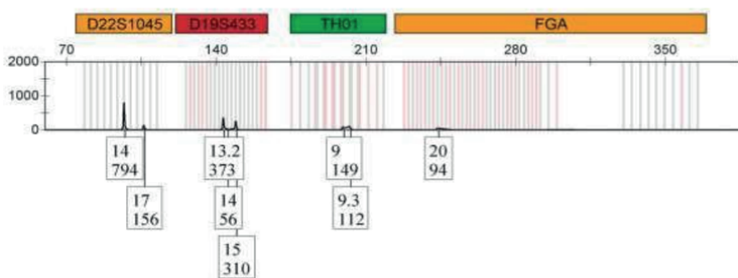
Una investigación efectuada por Hombreiro (s.f) denominada *Análisis de restos biológicos depositados sobre superficies complejas. Epitelios humanos y elementos balísticos. Estudio experimental y análisis de casos reales*, en el cual realizó un estudio sobre elementos balísticos consistente en el análisis de seis balas sin disparar que fueron introducidas en un cargador de pistola 48 horas antes de la toma de muestra. La superficie de contacto es una bala del calibre nueve milímetros corto (9 mm C) introducida en el cargador original de una pistola semiautomática de la marca STAR del mismo calibre. La fricción sobre la bala al introducirla en el cargador tuvo una duración de 5 segundos.

En los resultados se pudieron observar que los valores de cuantificación son correctos y esperados en el caso de las muestras de referencia con una buena concentración de ADN derivada de una alta eficiencia en la extracción. Difiere en relación con las muestras dubitadas (también conocidas como indicios), con valores mucho más bajos, lo cual es congruente tratándose de trazas epiteliales por contacto.

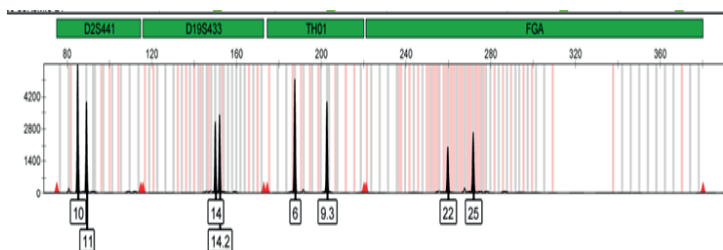
De las seis muestras (balas) analizadas, la que obtuvo el mayor nivel de cuantificación alcanzó el valor de 0.0278 nanogramos/microlitro (ng/μL), resultando un electroferograma de difícil interpretación, con intensidad de fluorescencia muy baja, por debajo de los límites de asignación alélica en muchos marcadores. Véase Figura 1

Figura 1

Arriba. Electroferograma de restos biológicos depositados sobre la superficie de una bala 9 mm en su introducción en el cargador de una pistola del mismo calibre.
Abajo. Electroferograma comparativo obtenido de muestras de referencia a partir de hisopado bucal.



Fuente: Hombreiro (s.f).



Fuente: Archivo personal (2024)

Si se está hablando de ADN de contacto, normalmente se obtienen perfiles parciales y/o de difícil interpretación, sin embargo, en ese dictamen se obtuvieron perfiles completos y con una alta cantidad de ADN. Mientras que en el estudio científico de Hombreiro, la concentración de ADN cuantificada para ADN de contacto fue de 0.0278 ng/μL, en el dictamen de este caso la cuantificación reportada fue de 1.6354 ng/μL (casquillo 1), 2.0772 ng/μL (casquillo 3) y 1.8377 ng/μL (casquillo 6), no hay congruencia y el razonamiento lógico advierte que entonces, no era ADN de contacto y se encuentra la primera discrepancia en esta situación.

Ahora bien, siendo congruentes y bajo un razonamiento lógico en la producción de los casquillos a partir de la detonación del cartucho en un arma de fuego, éstos se generaron a partir de la deflagración de la pólvora contenida en el casquillo. Este prelude es importante para explicar lo siguiente.

Se entiende por degradación de las moléculas de ADN al rompimiento aleatorio de éstas en fragmentos más pequeños. (Butler, 2005). Para que se produzca la amplificación por PCR, la plantilla de ADN -que es la región en donde se unen los “primers” o cebadores- debe estar intacta, para que pueda ocurrir la extensión completa y de esta manera obtener perfiles genéticos completos. Esta situación ocurre con muestras consideradas como de referencia o indubitadas, por sus características de preservación y por tanto, se consideran muestras ideales.+

Por otro lado, sin una cadena de ADN intacta que rodee la región de repetición de STRs para que sirva como plantilla, la PCR no tendrá éxito porque la extensión del cebador se detendrá en la rotura de la plantilla. Entonces, cuanto más degradada se encuentre la muestra de ADN, más roturas se producirán en la plantilla y cada vez menos moléculas de ADN adquieren

longitud completa necesaria para la amplificación por PCR, reflejándose en perfiles genéticos incompletos o parciales, tal como se aprecia en la Figura 1. Este tipo de perfiles genéticos son comunes en muestras que han estado sometidas a factores de degradación, entre otros, a las condiciones extremas de temperatura a las que se ven expuestas las muestras (Barrios, 2020).

El ácido desoxirribonucleico (ADN) constituye el material genético de cada ser vivo en la tierra y ha sido el centro de múltiples estudios físicos, químicos y biológicos. Karni et. al (2013) en su artículo científico Thermal Degradation of DNA, degradación térmica del ADN (en español), investigaron la temperatura a la cual el ADN se degrada, encontrando que en condiciones secas el ADN comienza a degradarse a los 130 °C y continúa de manera lineal hasta alcanzar la degradación completa a los 190 °C.

En las armas de fuego, desde que la aguja percutora empuja la bala hasta que el proyectil abandona el arma, suceden varios procesos térmicos como la quema del propelente que ocurre a una temperatura de 320 °C a 480 °C dentro del cartucho; la llama o gases que salen por la boca del arma en el momento del estampido, los cuales tienen una temperatura de 600 °C; cuando se produce la deflagración la temperatura alcanza los 2000 °C a 3000 °C (Sifontes y Navas, 2007).

Si los cartuchos contenían ADN traza o ADN de contacto por el simple abastecimiento de un cargador de un arma de fuego, ese ADN tuvo que necesariamente pasar por la exposición a altas temperaturas por la deflagración de la pólvora, lo que tendría que reflejarse en la cuantificación y por consecuencia en la obtención de perfiles genéticos incompletos o de difícil interpretación. Pero, por el contrario, son muestras que no presentan

índice de degradación ni coherencia con el tipo de indicios aludidos. Ésta es la segunda discrepancia encontrada en los resultados de cuantificación.

Adicionalmente, Hyojeong et al. (2020) en su artículo de investigación Validation of Reduced-volume Reaction in the PowerQuant® System for human DNA Quantification cuantifica, entre otras muestras, 12 hisopados bucales y muestras de saliva (consideradas muestras ideales, es decir, sin someterse a ningún factor de degradación) resultando concentraciones que van desde 0.1218 ng/µL hasta 2.9327 ng/µL. Véase Tabla 1

En comparación con la cuantificación de las muestras del dictamen en análisis, son similares y congruentes con las reportadas por Hyojeong y *et al.*, es decir, la comparación con la validación de este artículo científico, llevado a cabo con el mismo sistema de cuantificación que en el Laboratorio de Genética de la fiscalía de la zona occidente de México, sugiere que la fuente biológica de las muestras analizadas son saliva y éstas no estuvieron expuestas a ningún factor de degradación, es decir, se produjeron después de la deflagración de los cartuchos o bien, directamente en los casquillos. Como nota adicional, al menor de 17 años se le tomó muestra de hisopado bucal antes de procesar en el laboratorio los casquillos.

Tabla 1

Tabla comparativa entre la cuantificación de ADN reportada en el dictamen de genética de la fiscalía de la zona occidente de México y la cuantificación obtenida por Hyojeong *et al.* (2020).

Fuente de ADN	Cuantificación (ng/μL)	Fuente de ADN	Cuantificación (ng/μL)
Casquillo 1	1.6354	62. Células bucales	1.6896
Casquillo 3	2.0772	63. Células bucales	2.9327
Casquillo 6	1.8377	64. Células bucales	0.4490
		65. Células bucales	0.7585
		66. Células bucales	0.7764
		67. Células bucales	1.1101
		68. Células bucales	0.1218
		69. Células bucales	2.6815
		70. Células bucales	0.5822
		71. Células bucales	0.6674
		72. Saliva	0.4647
		73. Saliva	1.5625

Nota: La tabla muestra el Análisis comparativo en la cuantificación de muestras de saliva e hisopados bucales mediante el kit PowerQuant® System, mismo que fue utilizado por el laboratorio de genética de la fiscalía de la zona occidente de México. Fuente: Hyojeong *et al.* (2020).

Conclusión

Se concluye que el dictamen de genética forense analizado presenta falta de rigor técnico al no advertir, a partir de los resultados de cuantificación, que no hay concordancia entre la cuantificación de las muestras casquillo 1, casquillo 3 y casquillo 6 y la naturaleza de éstas por tratarse de ADN de contacto. Por otra parte, la cuantificación reportada en el dictamen en materia de Genética Forense presentado en este caso es congruente con muestras de saliva y no así con muestras generadas por ADN de contacto; por lo que sugiere que las muestras analizadas fueron muestras de saliva que, por los resultados estadísticos, corresponden al menor de 17 años, situación que deja entredicho la forma en cómo la saliva del menor pudo haber llegado a los casquillos analizados.

Referencias bibliográficas

Barrios-García, C., Cadenas-Sarmiento,

D. y Garrido-Díaz, M. (2020). Factores que influyen en la cantidad y calidad del ADN mitocondrial o nuclear de la pulpa dental utilizada en la identificación en odontología forense [Tesis de pregrado, Universidad de Valparaíso, Chile]. Archivo digital. <https://repositoriobibliotecas.uv.cl/serveruv/api/core/bitstreams/d3cac7fe-b494-4279-ac69-8227dd8d77e1/content>

Butler, J. (2005). Forensic DNA Typing (2nd ed.). Elsevier

ForensicBites. (2024). What is the best method for collecting touch DNA on clothing? <https://forensicbites.org/2020/05/14/what-is-the-best-method-for-collecting-touch-dna-on-clothing/>

Hombreiro, L. (s.f). Análisis de restos biológicos depositados sobre superficies complejas. Epitelios humanos y elementos balísticos. Estudio experimental y análisis de casos reales. Consultado el 26/03/2024. https://agmf.es/az/ANALISIS_DE_RESTOS_BIOLoGICOS_DE_P O S I T A D O S _ _ SOBRE_SUPERFICIES_COMPLEJAS._ EPITELIOS_HUMANOS_Y_ELEMENTO S_BALISTICOS._ESTUDIO_EXPERIMENTAL_Y_ANALISIS_DE_.pdf

Hyojeong, K., Yoonjung, C., Jeongyong, K., Ja Hyun, L., Hyo Sook, K. y Eungsoo, K. (2020). Validation of Reduced-volume Reaction in the PowerQuant® System for human DNA Quantification. Biomedical Science Letters,26 (4), 275-287. <https://doi.org/10.15616/BSL.2020.26.4.275>

ISO/IEC 17025:2017. Requisitos generales para la competencia de los laboratorios de ensayo calibración.

Karni, M., Zidon, D. Polak, P., Zalevsky, Z. y Shefi, O. (2013). Thermal Degradation of DNA. DNA and Cell Biology, 32 (6), 1-4. <http://doi.org/10.1089/dna.2013.2056>

Maxwell® FSC DNA IQ™ Casework Kit.

<https://worldwide.promega.com/products/nucleic-acid-extraction/genomic-dna/maxwell-fsc-dna-iq-casework-kit/?catNum=AS1550> PowerPlex® Fusion System. <https://worldwide.promega.com/es-es/products/forensic-dna-analysis-ce/str-amplification/powerplex-fusion-system/?catNum=DC2402>

Raymond, J., Walsh, S., Van Oorschot, R., Gunn, P. y Roux, C. (2004). Trace DNA: An underutilised Resource or Pandora's Box? A Review of the use of Trace DNA Analysis in the Investigation of Volume Crime. *Journal of Forensic Identification*, 54(6):668- 686.

Sifontes, W. A. y Navas, A. V. (2007). La balística: su eficacia y efectividad en el proceso penal [Monografía de pregrado, Universidad Francisco Gavidia]. Archivo digital. https://etesario.ufg.edu.sv/-j_s_p_u_i/_b_i_t_-stream/11592/6957/1/363.256%205-S573b.pdf

Villavicencio, A. (2022). Guía para la valoración judicial de la prueba pericial en materia de Genética. Consejo de la Judicatura Federal. https://www.cjf.gob.mx/P-JD/PJD_resources/guias/lib/P01003.pdf