

CEMENTERIO DE SAN VICENTE

INFORME 2003

Equipo Argentino
de Antropología Forense
(EAAF)



Colección
40 Años de Democracia

1983/2023

Cementerio de San Vicente

Informe 2003

Equipo Argentino de
Antropología Forense (EAAF)

Editorial
Filosofía y Humanidades UNC

**Área de
Publicaciones**

ffyh
Facultad de Filosofía
y Humanidades UNC



Cementerio de San Vicente. Informe 2003/ Cecilia Ayerdi... [et al.]; compilación de Darío Olmo. - 2a ed. - Córdoba: Universidad Nacional de Córdoba. Facultad de Filosofía y Humanidades, 2023.

Libro digital, PDF - (40 Años de Democracia/ Mariana Tello)

Archivo Digital: descarga y online

ISBN 978-950-33-1772-3

1. Antropología Forense. 2. Derechos Humanos. I. Ayerdi, Cecilia. II. Olmo, Darío, comp.

CDD 323.04

Área de Publicaciones

1ª ed.- Córdoba: Ferryra Editor, 2005.

© Equipo Argentino de Antropología Forense, 2005

ISBN N°987-1110-34-0

A la fecha en que se elaboró este informe el Equipo Argentino de Antropología Forense (EAAF) estaba integrado por los siguientes miembros: Cecilia Ayerdi, Patricia Bernardi, Daniel Bustamante, Andrea Del Río, Mimí Doretti, Sofía Egaña, Luis Fondebrider, Anahí Ginarte, Rafael Mazzella, Miguel Nieva, Darío Olmo, Maco Somigiana y Silvana Turner.

Colaboradores en el Proyecto Córdoba: Claudia Bisso, Lorena Campos, Alejandra Ibáñez y Mercedes Salado Puerto.

Compilador: Darío Olmo

Fotografías: Anahí Ginarte y Miguel Nievas

Diagramación y diseño de esta edición: María Bella

2023



Esta obra está bajo una Licencia Creative Commons Atribución - No Comercial - Sin Obra Derivada 4.0 Internacional.



Análisis de ADN en la identificación de restos óseos

Objetivo

El objetivo del estudio del “polimorfismo del ADN” o “Análisis de ADN” en restos óseos es la identificación genética de éstos mediante la investigación de parentesco biológico con familiares que reclaman por personas desaparecidas.

El análisis global consiste en la obtención de un “perfil genético” a partir de huesos, para ser comparado con el perfil obtenido en presuntos familiares del desaparecido, bajo diversas hipótesis de consanguinidad.

Conceptos

Restos óseos: en general se trata de obtener piezas dentales así como trozos de huesos compactos del esqueleto a investigar. Estos dos tipos de materiales rinden mejores resultados ya que se ha demostrado que es posible obtener mejor calidad de ADN de los mismos. La antigüedad del hueso así como el tipo y condiciones del suelo en que ha sido enterrado influyen enormemente en los resultados de los análisis. A mayor tiempo transcurrido, más posibilidades de degradación del ADN dentro del fragmento óseo o dental. Asimismo, suelos ácidos y húmedos degradan con mayor velocidad el ADN, mientras que suelos secos y calcáreos preservan mejor tanto al hueso como al ADN dentro del mismo.

Existen dos tipos principales de ADN que se analizan en los laboratorios de genética forense:

1. ADN nuclear

2. ADN mitocondrial

1. El ADN nuclear se encuentra, como su nombre lo indica, dentro del núcleo de las células. Es transmitido por parte de ambos progenitores a los hijos (22 cromosomas autosómicos y uno sexual) y cada hijo recibirá una copia de un cromosoma autosómico más un cromosoma sexual X ó Y.
2. El ADN nuclear tiene ventajas y desventajas con respecto con el ADN mitocondrial (ADNm). La principal ventaja del ADN nuclear es su enorme poder de resolución, es decir su poder intrínseco para distinguir diferentes perfiles genéticos y diferenciar tejidos que proceden de diferentes individuos. El tipo de herencia con que se transmite el ADN nuclear autosómico permite realizar comparaciones entre familiares de 1ra generación y en menor grado de 2da generación.
3. Asimismo, existen sistemas STR que residen en el cromosoma Y (STR-Y), el cual es transmitido exclusivamente por vía paterna. Estos sistemas permiten comparar individuos masculinos de una misma línea paterna ya que todos los varones de una familia tendrán el mismo perfil de cromosoma Y que el padre, abuelo paterno, etc.
4. La desventaja primaria de los sistemas STR nucleares es que por tener sólo una copia de cada fragmento o gen por célula, al ser sometido a condiciones de envejecimiento o degradación -comunes en restos óseos viejos- se desnaturaliza y como consecuencia se pierde la posibilidad de ser analizado aún con los métodos más modernos y poderosos de biología molecular.

5. El ADNm es heredado exclusivamente por vía materna: todos los hijos de una pareja heredarán el ADNm sólo de la madre. El ADNm del padre no se transmite a los hijos. Esto significa que todos los hijos de una progenie familiar heredarán el ADNm siempre a través de las mujeres de una familia. Esto permite comparar restos óseos con familiares lejanamente emparentados siempre que sea por vía materna (2da o 3ra generación). Por otro lado, el ADNm se sitúa fuera del núcleo de la célula, en la mitocondria y se encuentran hasta 10.000 copias idénticas de ADNm por cada célula del organismo. Esto significa que cada célula que tiene una sola copia de ADN nuclear, puede expresar como contraparte hasta 10.000 copias de ADNm. Esta característica del ADNm lo hace muy útil en la identificación de restos óseos antiguos ya que se pueden degradar la mayoría de las copias de ADNm en una célula pero siempre quedarán al menos una pequeña cantidad de copias que pueden ser analizadas mediante los métodos moleculares modernos. La desventaja que tiene el ADNm respecto al nuclear es que es mucho menos variable que éste último por lo que muchas personas tendrán las mismas secuencias de ADNm sin estar emparentadas directamente. Un ej para entender este tipo de situación puede ser graficada con los grupos sanguíneos. Dos personas que comparten el grupo sanguíneo O no necesariamente están emparentadas. La coincidencia es debida a que estos genes no son exclusivos de cada persona sino que muchas personas pueden poseer el mismo tipo genético en una población sin estar necesariamente emparentadas.

Como consecuencia, el laboratorio de genética forense cuenta con dos herramientas poderosas para la identificación de restos biológicos: el ADN nuclear enormemente variable y resolutivo pero más fácilmente degradable y el ADNm menos variable pero altamente perdurable en condiciones de degradación y envejecimiento.

Sangre: conceptos y técnicas similares son aplicados para analizar sangre obtenida a partir de presuntos familiares de desapareci-

dos. Los perfiles obtenidos en las muestras de sangre sirven para ser comparados con los obtenidos en huesos.

Los métodos

Los estudios se basan en la capacidad del laboratorio de genética forense en aislar ADN nuclear o mitocondrial a partir de restos biológicos. Los restos más utilizados son piezas dentales y huesos compactos: fémur, tibia, peroné, etc.

Una vez extraído el ADN se intenta tipificar el “perfil genético” de la muestra. Para esto, se analizan regiones del genoma en que residen determinados sistemas genéticos denominados STR (short tandem repeats) que son copiados múltiples veces en una reacción en cadena denominada PCR (reacción en cadena de la polimerasa) que permite realizar millones de copias idénticas a partir de una pocas hebras de ADN intactas en el material óseo. Esto ha permitido en los últimos años un avance vertiginoso en la resolución de identificaciones de restos óseos antiguos. Una vez obtenido el perfil genético en la muestra, se compara con el perfil genético obtenido en la sangre del presunto familiar a comparar, de acuerdo a la hipótesis de parentesco investigada. Esto significa que si una persona reclama ser el padre de quien pertenecen los restos óseos hallados, se analizarán las dos muestras (hueso de la persona que se quiere identificar y sangre del presunto familiar).

Como resultado, si los perfiles no coinciden de acuerdo a la hipótesis investigada, se rechazará la hipótesis planteada como cierta (que los restos pertenecen a un familiar de quien reclama) y se procederá a comparar el perfil óseo con muestras de sangre de otros presuntos familiares.

Si los perfiles coinciden de acuerdo a la hipótesis planteada, se realiza una valoración estadística para determinar la probabilidad de que los restos pertenezcan a quien se busca identificar. En casos en que se obtienen perfiles “completos” en el hueso, los valores de probabilidad de parentesco alcanzan cifras mayores al 99,9%.

Existen muchas situaciones en las que el laboratorio no puede obtener un perfil genético a partir de ADN nuclear de restos óseos debido a extensiva degradación del ADN. En estos casos se procede

a analizar ADN_m y en caso de obtener una secuenciación exitosa, se compararán las secuencias obtenidas con familiares por línea materna. Del mismo modo que para ADN nuclear, si las secuencias entre hueso y sangre del presunto familiar no coinciden, se rechaza la hipótesis de parentesco. Como se explicó anteriormente, si hay coincidencia entre ADN_m de ambas muestras es posible que el valor de probabilidad de coincidencia por parentesco sea menor que con el que se obtiene a partir del análisis de sistemas STR del ADN nuclear.

Como se desprende de los conceptos de herencia y parentesco descriptos anteriormente, se puede entender que en muchos casos se cuenta con familiares de línea materna que permiten comparar secuencias de ADN_m, pero otras veces se cuenta con familiares por vía paterna, que impide utilizar al ADN_m como herramienta de identificación. Existen muchas situaciones diferentes en que se hace necesario contar con todas las herramientas moleculares posibles para la identificación de personas desaparecidas (Sistemas STR autosómicos en el ADN nuclear, ADN mitocondrial, Sistemas del cromosoma Y)

La mayoría de las identificaciones que se han realizado hasta ahora han sido a partir de hipótesis “fuertes”, es decir que los datos históricos y antropológicos permitían suponer que se trataba de una persona en particular. En estos casos, la simple comparación del perfil obtenido en hueso con un presunto familiar, permitió identificar al desaparecido. Sin embargo muchas de las hipótesis ensayadas arrojaron resultados negativos, en el sentido que los perfiles entre hueso y sangre no coincidieron, rechazando como consecuencia la hipótesis de identidad que se había formulado.

En este momento se están generando bases de datos de familiares de desaparecidos con el objeto de comparar cada nueva muestra ósea analizada con la base de datos de familiares en comparaciones cruzadas con el fin de identificar nuevos restos de desaparecidos.

Dependiendo de las diferentes hipótesis de parentesco que se reclaman, es necesario producir bases de datos con perfiles genéticos de ADN nuclear o ADN_m. Últimamente, se está tratando de generar también una base de datos de sistemas STR-Y ya que algunas veces es necesario comparar perfiles genéticos por vía paterna.

Por último, existen algunos restos óseos en los que por diferentes motivos, ya sea degradación o efecto del suelo, no es posible obtener perfiles de ADN y en los que los esfuerzos del laboratorio de genética forense son inútiles en el aporte de soluciones a las identificaciones humanas.

Conclusiones

El laboratorio de genética forense, contando con metodología molecular moderna, es capaz de producir identificaciones en restos óseos relativamente antiguos a partir de la comparación de los perfiles genéticos obtenidos en el ADN óseo al ser comparado con el de presuntos familiares consanguíneos.

Hasta el momento se han identificado en nuestro laboratorio más de 11 restos óseos de diferentes regiones del país a partir de la metodología molecular empleada.