



COINCIDENCIAS ADVENTICIAS EN CASOS DE FILIACIÓN, UTILIZANDO CODIS, DENTRO DEL BANCO DE DATOS GENÉTICOS DE USO FORENSE DEL INSTITUTO NACIONAL DE CIENCIAS FORENSES DE GUATEMALA -INACIF-

Diálogo Forense
Núm. 8, Vol. 4, 2023
ISSN: 2789-8458

Lic. Mynor F. López Díaz
Universidad del Valle de Guatemala.

lop18621@uvg.edu.gt

*Recibido: 23/08/2023
Aceptado: 18/10/2023*

Palabras clave: coincidencias adventicias, falsos positivos, CODIS, astringencia, razón de probabilidad.

Keywords: adventitious matches, false positives, CODIS, stringency, likelihood ratio.

RESUMEN

Las coincidencias adventicias plantean un desafío crítico en la fiabilidad de las bases de datos genéticos con aplicaciones forenses. El presente estudio se enfocó en la evaluación de este fenómeno en el Banco de Datos Genéticos de Uso Forense del Instituto Nacional de Ciencias Forenses -INACIF- en casos de filiación. Se llevaron a cabo análisis de variables como el grado de parentesco y la cantidad de marcadores genéticos compartidos. Además, se compararon las razones de probabilidad -LR- (por sus siglas en inglés) en coincidencias no concluyentes, adventicias y reales. Se investigó la posible influencia entre los niveles de astringencia, los marcadores genéticos utilizados y el LR de este tipo de coincidencias, identificando diferencias

significativas en los LR, que variaron en valores desde 10,000 hasta casi 100,000, con una densidad del 50% entre 15,000 y 50,000. Se sugiere que el poder de exclusión de los marcadores genéticos y su cantidad podrían afectar los niveles de astringencia. Como recomendación se propone la incorporación de niveles de discriminación para determinar si un perfil candidato en el rango del LR de coincidencias adventicias está realmente asociado o no al perfil objetivo, así como estudiar a profundidad la frecuencia alélica de los marcadores utilizados para monitorear la aparición y tendencia de este tipo de coincidencias en INACIF.

ABSTRACT

Adventitious matches pose a critical challenge to the reliability of genetic databases with forensic applications. This study focused on evaluating this phenomenon in the Genetic Data Bank for Forensic Use of the National Institute of Forensic Sciences of Guatemala -INACIF- in cases of filiation. Analyzes were carried out on variables such as the degree of relatedness and the number of shared genetic markers. In addition, the Likelihood ratios -LR- were compared in inconclusive, adventitious, and genuine matches. The potential influence between the stringency levels, genetic markers used and the LR of such matches was investigated, identifying significant

differences in LR, ranging from 10,000 to nearly 100,000, with a density of 50% between 15,000 and 50,000. It is suggested that the exclusion power of genetic markers and their quantity could impact stringency levels. As a recommendation, the incorporation of discrimination levels was proposed to determine whether a candidate profile in the LR range of adventitious matches is truly associated or not with the target profile. Furthermore, as thorough study of the current allelic frequency of the markers used is recommended to monitor the appearance and trend of this type of matches in INACIF.

INTRODUCCIÓN

Las bases de datos genéticas son herramientas de gran relevancia en el análisis forense, pues permiten el almacenamiento de perfiles genéticos de individuos vinculados en casos humanitarios, civiles o penales que posibilitan la búsqueda de coincidencias entre perfiles genéticos de interés. En años recientes se han adoptado medidas para mejorar la exactitud de los resultados en las búsquedas en bases de datos. Por ejemplo, una de las medidas implementadas ha sido el aumento de la cantidad de marcadores genéticos analizados en cada una de las muestras (McCartney et al., 2011). Para 2017, varios autores han mencionado recomendaciones generales para el Sistema de Índice Combinado de ADN -CODIS- (por sus siglas en inglés), instrumento informático a través del cual opera el Banco de Datos Genéticos para Uso Forense del INACIF. Una recomendación sugería que se debían analizar al menos 21 marcadores autosómicos por muestra. Este es un ejemplo de las acciones que han tenido como objetivo disminuir la probabilidad de coincidencias entre perfiles no relacionados (McCartney et al., 2011).

Uno de los problemas que se presenta con el aumento de la cantidad de perfiles almacenados en una base de datos genéticos es la aparición de coincidencias adventicias o

falsos positivos. Estas son definidas como un emparejamiento entre perfiles genéticos al realizar una comparación, siendo generadas por casualidad o azar más que por una genuina relación entre los perfiles evaluados (Raymond et al., 2009). Las coincidencias adventicias representan una preocupación que puede afectar la validez de los resultados obtenidos a través de bases de datos de uso forense. Su frecuencia está relacionada con el tamaño de la base de datos, por lo que a mayor número de perfiles almacenados mayor es la probabilidad de encontrar coincidencias adventicias. Por lo tanto, en los últimos años se ha vuelto cada vez más necesario abordar esta problemática, conforme las bases de datos forenses crecen.

Con base en lo descrito, el objetivo principal de esta investigación consistió en evaluar coincidencias adventicias obtenidas en el Banco de Datos Genéticos de Uso Forense, del Laboratorio de Serología y Genética del INACIF, en casos de filiación. Este análisis permitió realizar un primer acercamiento a las coincidencias adventicias y conocer los porcentajes y proporciones de las distintas características asociadas a este fenómeno.

MATERIALES Y MÉTODOS

Determinación de parámetros

Se definieron las coincidencias adventicias como la unidad experimental y se fijó una muestra de $n=96$, representando un nivel de confianza del 95 % con un intervalo de confianza del 10 %. Este cálculo se realizó con la ecuación de tamaño muestral.

Búsqueda y recopilación de datos.

Se evaluaron 68 casos que poseían en su totalidad 188 perfiles genéticos distintos. La primera etapa consistió en la búsqueda de cada perfil en la sección de *identity search* en la pestaña *searcher* de CODIS. Esta búsqueda comparó los perfiles objetivo (con el que se hacía la búsqueda) en la Base de Datos con Fines Humanitarios o Civil, la Base de

Datos con Fines de Investigación Criminal y la Base de Datos con Fines de Control de Calidad, en CODIS, lo que permitió encontrar coincidencias o perfiles candidatos (los perfiles resultantes de dicha búsqueda). De las comparaciones obtenidas se registró la cantidad de marcadores entre perfiles que mostraron coincidencias con un nivel de astringencia alto, moderado, bajo o nulo, así como el total de marcadores compartidos entre el perfil objetivo y el perfil candidato. Por último, las coincidencias encontradas se compararon en la sección de *kinship* a través de la popstats de CODIS, donde en cada comparación de perfiles objetivo contra perfiles candidato se anotó la relación filial más probable dada por los cálculos de *kinship*, así como el LR de este posible parentesco.

Análisis

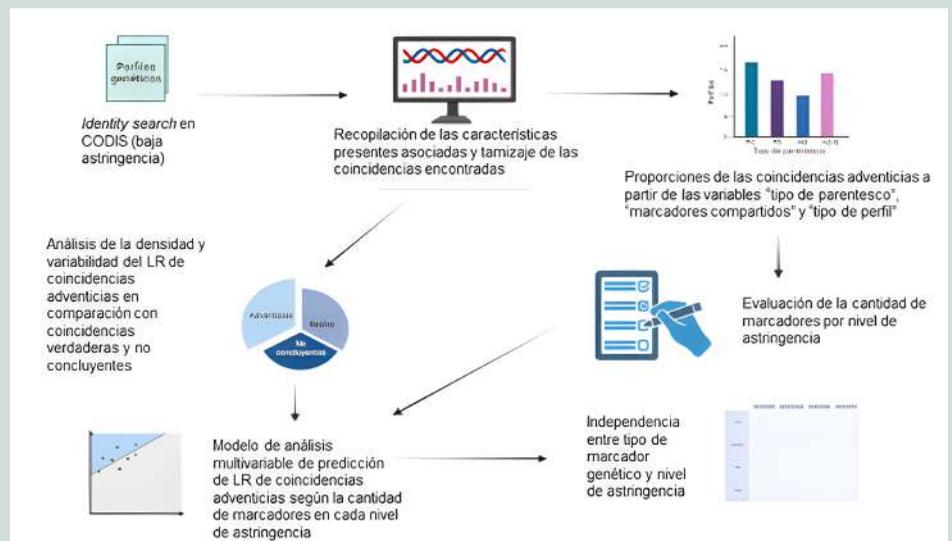
Se analizaron las características presentes asociadas a coincidencias adventicias. El primer paso fue la identificación del tipo de coincidencias a través del siguiente criterio:

- 1. Coincidencias no concluyentes/no coincidencias:** LR < 10,000. Este valor de LR indica un bajo respaldo a la hipótesis del tipo de parentesco encontrado. De acuerdo con los procedimientos internos del INACIF, las coincidencias que corresponden a estos valores son descartadas.
- 2. Coincidencias adventicias:** LR >10,000. Se utilizó como criterio de discriminación el verificar que la coincidencia no perteneciera al caso del perfil objetivo con el que se realizó la búsqueda, es decir, que no correspondiera a la filiación que fue evaluada en el laboratorio a solicitud de autoridad competente.
- 3. Coincidencias reales/verdaderas:** LR > 10,000. Coincidencias entre perfiles genéticos que formaban parte del caso al cual correspondía la búsqueda, es decir, que correspondían a la filiación que fue evaluada en el laboratorio a solicitud de

autoridad competente. También se incluyeron perfiles que, aunque no pertenecían al caso del perfil objetivo, superaron el LR de 1,000,000, por lo que existía una alta probabilidad de ser coincidencias reales.

Al recopilar todas las coincidencias adventicias se obtuvo las proporciones de las variables “tipo de parentesco” y “cantidad de marcadores compartidos”. Se evaluó si existía diferencia significativa entre en la cantidad de marcadores por los diferentes niveles de astringencia. Todos los análisis previos se realizaron con la herramienta Real Statistics (v.8.6.3). Por último, se evaluó si existía una relación significativa entre el LR de coincidencias adventicias contra la cantidad de marcadores en cada nivel de astringencia con un modelo de análisis multivariable en Rstudio (v.2023.03.1). Al no encontrarse relación significativa en el modelo anterior, se decantó por evaluar si los diferentes marcadores eran afectados por el nivel de astringencia a través de la independencia de ambas variables utilizando la prueba de chi cuadrado.

Figura 1. Estructura metodológica del estudio. La figura ilustra el proceso de recopilación de datos, la identificación de características asociadas y el análisis estadístico de las variables más relevantes en coincidencias adventicias.



Tamaño de la muestra final.

De los 68 casos evaluados y sus 188 perfiles candidatos respectivos, al llevar a cabo búsquedas en CODIS y en las bases de datos criminal, humanitaria y de calidad, se identificaron un total de 6024 perfiles coincidentes (figura 2). Entre estos, un 6% correspondió a coincidencias auténticas (358), mientras que un 2% fueron clasificadas como coincidencias adventicias (113). En el análisis final, se excluyeron las coincidencias reales que no estaban vinculadas al caso original y las coincidencias adventicias repetidas, resultando en un total de 96 coincidencias adventicias finales.

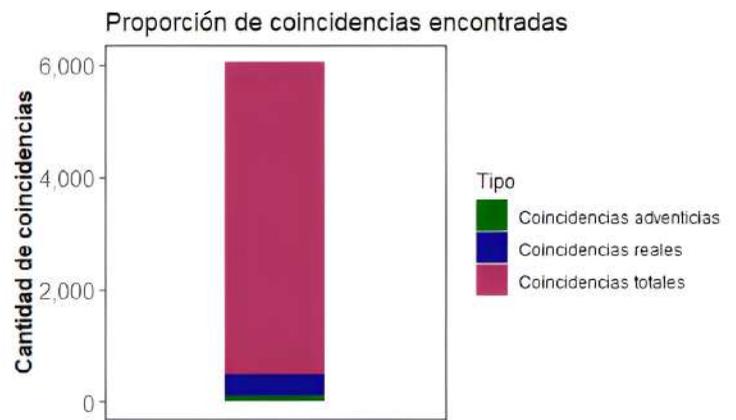


Figura 2. Coincidencias encontradas en la búsqueda de perfiles. Las coincidencias adventicias representaron el porcentaje más bajo de todas las coincidencias encontradas.

RESULTADOS

Proporción de coincidencias adventicias

Las 96 coincidencias adventicias finales obtenidas fueron clasificadas según el tipo de parentesco y la cantidad de marcadores genéticos compartidos como se muestra en los cuadros 1 y 2. Se destacan proporciones significativas, como que los parentescos entre hermanos de ambos padres y posibles medios hermanos, tíos y abuelos representan más del 35 % de las coincidencias adventicias. Excluir coincidencias adventicias con perfiles que poseen estos tipos de parentescos es más desafiante, ya que, a diferencia de un parentesco de línea vertical directa como el de padres (descendencia directa), donde la herencia de alelos es del 50%, la herencia de alelos es más variable entre un parentesco horizontal como hermanos y medios hermanos.

Cuadro 1. Porcentaje según el tipo de parentesco en coincidencias adventicias identificadas. La relación de padre a hijo (PO, *Parent-offspring*) constituye un 64 %, mientras que la suma de los demás parentescos representa el 36 %

Parentesco	Cantidad	Porcentaje
PO	61	64%
FS	27	28%
HS-S	3	3%
HS-HS	3	3%
HS	2	2%
Total	96	100%

Cuadro 2. Distribución de frecuencia según el número de marcadores compartidos en las coincidencias adventicias. Se observa que los perfiles con 16 marcadores compartidos constituyen la mayoría, representando un 71%, seguido por aquellos con 22 marcadores compartidos, que representan el 28%.

Marcadores compartidos	Cantidad	Porcentaje
16	68	71%
22	27	28%
15	1	1%
TOTAL	96	100%

Razón de probabilidad -LR-

Se determinó que las coincidencias adventicias, reales y no concluyentes no cumplían con la suposición de normalidad. Por lo tanto, se empleó la prueba no paramétrica de Mann-Whitney, la cual reveló que existían diferencias significativas entre las medianas de los tres tipos de coincidencias. En este contexto, el criterio utilizado para evaluar las disparidades entre los datos fue el rango intercuartil, lo que permitió interpretar que el LR de coincidencias adventicias presenta un rango diferente en comparación con las otras coincidencias.

Como se muestra en el cuadro 3, La distribución del LR de coincidencias adventicias abarca desde 10,000 hasta 100,000, con la mitad de los datos (rango intercuartil) situados entre 15,000 y 50,000. En marcado contraste, las coincidencias verdaderas se extienden desde 1.3×10^5 en adelante. Por otro lado, las coincidencias no concluyentes no superan valores más allá de 100-200.

Cuadro 3. Descripción de LR en coincidencias adventicias, coincidencias reales y coincidencias no concluyentes.

	<i>Coincidencias Adventicias</i>	<i>Coincidencias Verdaderas</i>	No concluyentes
Min	10,030	1.3E+05	0.11
Q1-Min	5,630	7.1E+07	11
Med-Q1	10,710	3.1E+15	18
Q3-Med	16,260	1.4E+19	75
Max-Q3	57,470	2.8E+19	205
IQR	26,970	1.4E+19	93
Min	10,030	1.3E+05	0.11
Q1	15,660	7.1E+07	12
Median	26,370	3.1E+15	30
Q3	42,630	1.4E+19	105

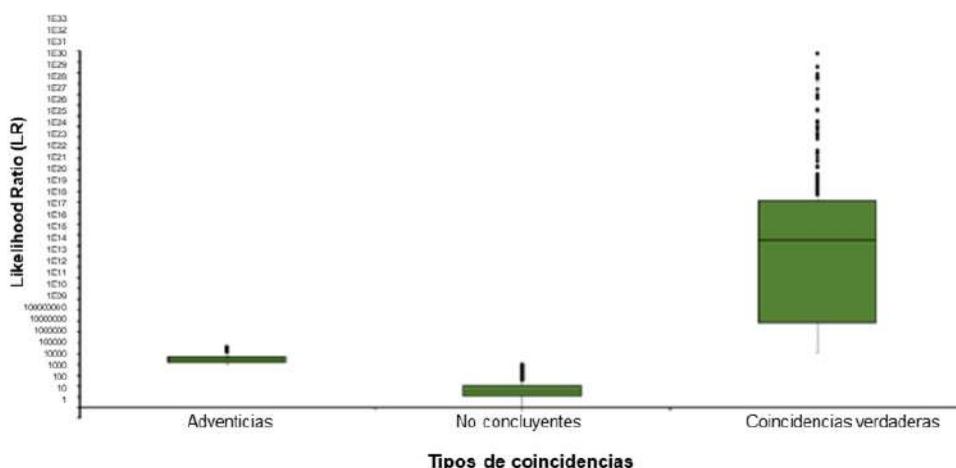


Figura 3. Distribución del LR en coincidencias adventicias en comparación con coincidencias verdaderas y no Concluyentes. La gráfica fue creada en escala logarítmica base 10, lo que implica que las dimensiones de las cajas no son proporcionales.

En la Figura 3, se presenta de manera visual la distribución del LR de coincidencias adventicias. Se destaca un rango significativo que se extiende desde 10,000 hasta casi 100,000, proporcionando una clara representación de la variabilidad de estos valores en el contexto de las coincidencias adventicias.

Astringencia

Los marcadores para los niveles de astringencia se encuentran, en la mayoría de los casos, distribuidos de manera uniforme. La aplicación de la prueba de Kruskal-Wallis reveló diferencias significativas en todas las posibles comparaciones entre grupos como se muestra en la figura 4.

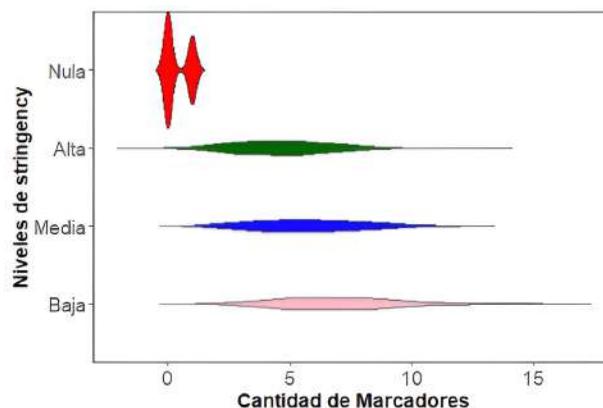


Figura 4. Distribución de marcadores según el nivel de astringencia en coincidencias adventicias.

Cantidad de marcadores por nivel de astringencia versus LR

Se evaluó si la diferencia significativa entre los niveles de astringencia afectaba el LR. Para esto se realizó una regresión multivariable. Sin embargo, el modelo no fue estadísticamente significativo (ver figura 5).

El modelo de regresión multivariable apenas explica el 6% del comportamiento del LR (con un R² de 0.06). Además, el conjunto del modelo no muestra significancia estadística, lo que indica que las variables independientes (nivel de astringencia) no guardan una relación significativa con el LR, que es la variable dependiente (estadístico F).

```
lm(formula = LR ~ L + M + H + N, data = data)
Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-4619413 -1436443  -540155   484223 60037664

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) -7892379   3987352  -1.979   0.0504 .
L             261381    246605    1.060   0.2916
M             667563    301017    2.218   0.0287 *
H             771120    425583    1.812   0.0729 .
N            -1776981   1495050  -1.189   0.2373

---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 6057000 on 105 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.06064
Adjusted R-squared:  0.02485
F-statistic: 1.694 on 4 and 105 DF, p-value: 0.1568
```

Figura 5. Modelo de regresión multivariable obtenido a través del software Rstudio. Los resultados indican en orden que, únicamente el nivel medio de astringencia posee relación significativa con el comportamiento del LR ($p < 0.05$).

Proporción de cada marcador versus niveles de astringencia

Al constatar que el nivel de astringencia no guarda una relación significativa con el LR, se exploró la posibilidad de una relación entre los niveles y marcadores específicos (figura 6). Esta relación es indirecta con el LR, ya que la frecuencia de un alelo en una población puede influir en la probabilidad de una coincidencia adventicia (O'Connor et al., 2010). Se llevaron a cabo pruebas de chi cuadrado para los marcadores más comunes, y se concluyó en que ambas variables eran dependientes, lo que indica que las proporciones de los niveles son significativamente diferentes según los marcadores utilizados.

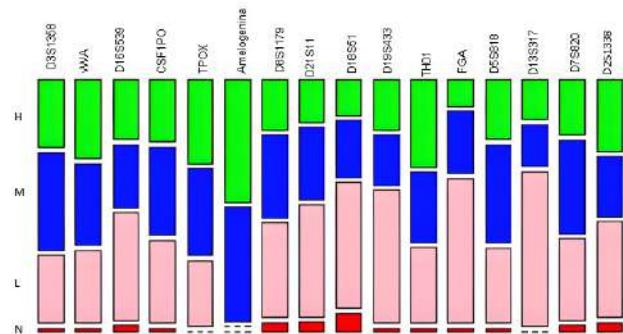


Figura 6. Gráfico de mosaico de proporciones de niveles de astringencia según marcador. Los niveles (Alto = H, Medio = M, Bajo = L y Nulo = N) varían su proporción entre la mayoría de los marcadores.

DISCUSIÓN

El análisis de las coincidencias adventicias en el Cuadro 1 revela que, después de los parentescos verticales (Padre/Hijo -PO-), los horizontales representan una proporción considerable, superando el 35%. Este hallazgo presenta un desafío al identificar coincidencias adventicias, ya que es más directo descartar aquellas que indican un parentesco PO. En este escenario, la ley de segregación de Mendel establece que el 50% de los alelos idénticos se comparten por descendencia (Klug et al., 2019). A menos que ocurra una mutación, se esperaría una proporción no menor al 50% de alelos heredados entre progenitores e hijos.

Sin embargo, en los parentescos horizontales como FS (hermanos) y otros más distantes, no necesariamente se

comparte el 50% de herencia, lo que implica que los alelos pueden no estar relacionados y la detección se vuelve más compleja. Por este motivo, las relaciones más lejanas que un parentesco tipo PO requieren análisis más exhaustivos, como la exploración de marcadores STR adicionales, ADN del Cromosoma Y, ADN del Cromosoma X y ADN mitocondrial (Roewer, 2019).

Un descubrimiento significativo es que la proporción de coincidencias adventicias es más elevada (71%) cuando se comparten 16 marcadores en comparación con 22. Este resultado concuerda con las observaciones de O'Connor et al. (2010), las cuales sugieren que a medida que aumenta la cantidad de marcadores, la probabilidad de encontrar coincidencias adventicias, reduciendo la

posibilidad de coincidencias aleatorias. Este hallazgo destaca la importancia de seguir las recomendaciones internacionales en el manejo de bases de datos genéticos, especialmente en lo que respecta a la cantidad mínima de marcadores por perfil genético y la selección de marcadores según su poder de discriminación. A medida que la base de datos de INACIF se expanda, se aconseja continuar adoptando estas prácticas para fortalecer la fiabilidad de las coincidencias y garantizar una interpretación más precisa de los perfiles genéticos.

Posteriormente, se evaluó el criterio principal con el que se concluye si una coincidencia es verdadera, la Razón de probabilidad (LR). El criterio utilizado por INACIF es el descrito por Butler (2014), quien menciona que un LR mayor a 10,000 es una evidencia que apoya fuertemente una coincidencia. Se determinó que la distribución de la mediana del LR de las de coincidencias adventicias sí varía significativamente respecto de los de coincidencias verdaderas y no concluyentes. En virtud de estos hallazgos, se sugiere considerar la posibilidad de elevar el valor del LR basal para coincidencias verdaderas, tomando en cuenta los resultados del estudio. Además, se recomienda mantener la práctica actual de análisis de metadata y otros procedimientos complementarios que el INACIF ya realiza, tal y como lo recomienda Sheehan e Egeland (2007).

Para entender mejor la variación del LR, se aplicó un modelo lineal multivariado para predecir el comportamiento del LR según la cantidad de marcadores en cada nivel de astringencia. Sin embargo, este modelo solo pudo explicar una pequeña proporción, un 6 %, de la variabilidad del LR y no fue estadísticamente significativo en su conjunto. Este resultado sugiere que la relación entre la cantidad de marcadores y el LR no es directa ni uniforme. Dada esta limitación, se exploró si la cantidad de marcadores por nivel de astringencia dependía directamente del marcador evaluado, lo que podría influir indirectamente en el LR según la frecuencia alélica de cada marcador en la población de la base de datos (Ng et al., 2018).

Por último, se examinó la relación entre los diferentes marcadores genéticos y sus proporciones específicas en cada nivel de astringencia. La prueba de chi cuadrado reveló una dependencia significativa entre la identidad del marcador y su distribución según el nivel de astringencia. Es esencial tener en cuenta que esta prueba detecta una relación estadística, pero no implica causalidad. Por lo tanto, se requiere un análisis más

profundo para establecer la conexión entre los marcadores y sus niveles de astringencia. Se observó que cada marcador presentaba variaciones en la proporción de los niveles de astringencia. En particular, marcadores como FGA o D18S317 mostraron una proporción elevada en el nivel de astringencia bajo, mientras que otros como D3S1358 y TPOX presentaron proporciones más equilibradas, con una mayor presencia en los niveles altos y medios de astringencia (ver Figura 8).

Estudios previos (Martinez-Espin et al., 2006) coinciden en que la informatividad de los marcadores mencionados depende de su frecuencia en la población. Se destacó que FGA y D18S317 eran los más discriminantes en la población guatemalteca hasta el 2006, mientras que TPOX y D3S1358 poseían alelos menos discriminantes. Esto se vincula con la frecuencia alélica en la base de datos, ya que FGA, al ser parte de los marcadores más discriminantes, tiene alelos menos frecuentes en la población. Esto genera una tendencia a mostrar una proporción alta en un nivel de astringencia bajo, ya que, aunque los alelos no coincidan exactamente entre el perfil objetivo y el candidato, al ser poco comunes, contribuyen a aumentar el LR y, por lo tanto, se produce una coincidencia adventicia. En contraste, los marcadores menos discriminantes, como TPOX, poseen alelos con una frecuencia alta en la población, lo que resulta en proporciones más equilibradas en los niveles de astringencia correspondientes a este marcador.

Se debe tomar en cuenta que, en el presente estudio, no se incluyeron frecuencias poblacionales actuales de cada marcador y que la comparación previa se limitó a un estudio donde se evaluó la frecuencia de 15 marcadores en la población guatemalteca en 2006. Por lo tanto, se recomienda para futuros estudios aumentar el alcance de este enfoque encaminado a evaluar el poder de exclusión en la población guatemalteca actual, siendo esto importante ya que ha sido catalogada a través de estudios filogenéticos de subgrupos étnicos como “moderadamente endogámica” debido a un aislamiento poblacional local (Söchtig et al., 2015). Esto indicaría una influencia de la frecuencia de los alelos en la base de datos de INACIF al determinar si los marcadores usados actualmente contribuyen a una mayor o menor aparición de coincidencias adventicias, debido a que se conoce que alelos poco frecuentes en la población aumentan el LR, pero los más frecuentes lo disminuyen (O'Connor et al., 2010).

CONCLUSIONES

El análisis revela patrones significativos en las coincidencias adventicias. En primer lugar, se destaca que la mayoría de estas coincidencias (71%) se manifiestan en perfiles que comparten solo 16 marcadores, estableciendo una clara relación entre la cantidad de marcadores compartidos y la ocurrencia de este fenómeno. Esto contrasta con los perfiles que comparten la totalidad de 22 marcadores. Además, se observa una prevalencia más alta (36%) de coincidencias adventicias en relaciones de parentesco de línea vertical, como FS, HS, HS-S y HS-HS.

El análisis de Razón de Probabilidad -LR- demuestra que, en las coincidencias adventicias, el LR difiere significativamente de las coincidencias reales y no concluyentes. Este valor se sitúa en un rango oscilando entre 10,000 y casi 100,000, con una densidad del 50 % concentrada entre los valores de 15,000 y 50,000.

Además, se determina una diferencia estadísticamente significativa en la cantidad de marcadores según el nivel de astringencia. Por otro lado, el modelo lineal multivariable explica solo un 6% del comportamiento del LR, por lo se concluye que la proporción de los niveles de astringencia no influye significativamente en la variabilidad del LR. En contraparte, es posible establecer una relación de dependencia entre la proporción de los niveles de stringency en coincidencias adventicias y los marcadores utilizados.

En última instancia, se propone evaluar la incorporación de niveles de discriminación para determinar con mayor precisión la asociación entre un perfil candidato y el perfil objetivo. También se sugiere un análisis más profundo de la frecuencia alélica actual de los marcadores utilizados para monitorear la aparición y tendencia de coincidencias adventicias en el Banco de Datos Genéticos de Uso Forense del INACIF.

BIBLIOGRAFÍA

- Butler, J. M. (2014). *Fundamentals of forensic DNA typing*. Academic press.
- Klug, W. S., Cummings, M. R., Spencer, C. A., Palladino, M. A., y Killian, D. (2019). *Conceptos de genética*, Edición global. *Person, str*, 471-491.
- Martinez-Espin, E., Martínez-Gonzalez, L. J., Fernandez-Rosado, F., Entrala, C., Alvarez, J. C., Lorente, J. A., ... y de Monroy, M. O. (2006). Guatemala mestizo population data on 15 STR loci (Identifiler Kit). *Journal of forensic sciences*, 51(5), 1216.
- McCartney, C. I., Wilson, T. J., y Williams, R. (2011). Transnational exchange of forensic DNA: viability, legitimacy, and acceptability. *European Journal on Criminal Policy and Research*, 17(4), 305-322.
- Ng, J., Oldt, R. F., y Kanthaswamy, S. (2018). Assessing the FBI's Native American STR database for random match probability calculations. *Legal Medicine*, 30, 52-55.
- O'Connor, K. L., Butts, E., Hill, C. R., Butler, J., y Vallone, P. (2010). Evaluating the effect of additional forensic loci on likelihood ratio values for complex kinship analysis. *In Proceedings of the 21st International Symposium on Human Identification* (pp. 10-14).
- Raymond, J. J., van Oorschot, R. A., Gunn, P. R., Walsh, S. J., y Roux, C. (2009). Trace evidence characteristics of DNA: a preliminary investigation of the persistence of DNA at crime scenes. *Forensic Science International: Genetics*, 4(1), 26-33.
- Roewer, L. (2019). Y-chromosome short tandem repeats in forensics—Sexing, profiling, and matching male DNA. *Wiley Interdisciplinary Reviews: Forensic Science*, 1(4), e1336.
- Sheehan, N. A., y Egeland, T. (2007). Structured incorporation of prior information in relationship identification problems. *Annals of Human Genetics*, 71(4), 501-518.
- Söchtig, J., Álvarez-Iglesias, V., Mosquera-Miguel, A., Gelabert-Besada, M., Gómez-Carballa, A., y Salas, A. (2015). Genomic insights on the ethno-history of the Maya and the 'Ladinos' from Guatemala. *BMC genomics*, 16(1), 1-18.