

LAS ABUELAS Y LA GENÉTICA

El aporte de la ciencia en la búsqueda
de los chicos desaparecidos



Abuelas de Plaza de Mayo

LAS ABUELAS Y LA GENÉTICA

El aporte de la ciencia en la búsqueda
de los chicos desaparecidos

ABUELAS DE PLAZA DE MAYO
Virrey Cevallos 592 PB1 (CP 1097)
Tel. 4384-0983
abuelas@abuelas.org.ar
www.abuelas.org.ar
www.redxlaidentidad.org.ar

ARCHIVO BIOGRÁFICO FAMILIAR DE
ABUELAS DE PLAZA DE MAYO
Corrientes 3284 4° H
Tel. 4864-3475 / 4867-1212
archivo@abuelas.org.ar

CENTRO DE ATENCIÓN POR
EL DERECHO A LA IDENTIDAD
Gurruchaga 1079
Tel. 4899-2223 / 4899-2228
identidadpsi@abuelas.org.ar

CONADI
25 de Mayo 552, 2° piso
Tel. 4312-6648
conadi@jus.gov.ar
www.conadi.jus.gov.ar

FILIAL DE ABUELAS LA PLATA
Calle 8 N° 835, Galería Williams,
Piso 6 Oficina 1 (CP.1900)
Tel. (0221) 425-7907
laplata@abuelas.org.ar

FILIAL DE ABUELAS MAR DEL PLATA
Bolívar 3053 7° D, edificio "Tango"
Tel. (0223) 496-3029
abuelmardel@abuelas.org.ar

FILIAL DE ABUELAS ROSARIO
Calle Moreno 248
Tel. (0341) 472-1466/472-1467
int. 114
rosario@abuelas.org.ar

FILIAL DE ABUELAS CÓRDOBA
Duarte Quirós 545, piso 3, dpto. C,
Edificio "El Foro" (CP 5000)
Tel.Fax. (0351) 421-4408
abuelascordoba@gmail.com

FILIAL DE ABUELAS AYACUCHO
Almirante Brown 514

EDITOR RESPONSABLE

Abel Madariaga

REDACCIÓN

Guillermo Wulff

REVISIÓN

María José Lavalle Lemos

FOTOGRAFÍAS

Paula Sansone

DISEÑO INTERIOR

Diego Gorzalczany

DISEÑO DE TAPA

Bárbara Linares

ISBN 978-987-23866-3-4

Índice

Prólogo	13
1- La noticia	15
2- La genética en pocas palabras	21
3- Peregrinaje por el mundo	29
4- Encuentro en Nueva York	37
5- El caso de Paula Eva Logares	43
6- El primer equipo de filiación	55
7- El papel de la ciencia forense	63
8- Creación de Banco Nacional de Datos Genéticos	71
9- El ADN nuclear y mitocondrial	79
10- El segundo equipo de filiación	87
11- El banco de ADN mitocondrial	95
12- La articulación institucional	103

13- Testimonios del ADN	111
14- Vías alternativas de análisis	117
15- El don de las Abuelas a la ciencia	123
Epílogo	129
Apéndice 1	133
Banco Nacional de Datos Genéticos: La identificación de los jóvenes desaparecidos en la Argentina (2008)	
Apéndice 2	155
Banco Nacional de Datos Genéticos: La identificación de los niños desaparecidos en la Argentina (1987)	
Notas	185
Bibliografía	197
Glosario	201

Prólogo

Por Víctor B. Penschaszadeh*

El terrorismo de Estado ejercido contra la sociedad argentina por el infame régimen militar que asoló al país entre 1976 y 1983, no tuvo límites. En aras de imponer la mayor concentración de riqueza económica y poder político jamás vista, decenas de miles de disidentes políticos fueron desaparecidos, torturados y asesinados, y centenares de miles de argentinos fueron expulsados al exilio y al desarraigo. La justicia fue avasallada, la cultura atropellada y la educación vaciada de contenidos sociales.

Mujeres embarazadas, tratadas peor que animales camino al matadero, torturadas salvajemente durante la gestación, forzadas a parir en condiciones infrahumanas en sitios abyectos, y asesinadas luego del parto, fueron moneda corriente en la larga noche de la dictadura. Entre las graves violaciones cometidas contra los derechos humanos más elementales, uno de los más perversos y que mayores secuelas psicosociales ha generado, ha sido la apropiación de los niños nacidos en cautiverio por parte de personajes vinculados al aparato represivo. Ocultamiento de identidad, perversión en la crianza y negación permanente de la verdad fueron los denominadores comunes de la apropiación de centenares de niños durante la dictadura.

La localización e identificación de decenas de niños apropiados, hoy jóvenes-adultos, fue posible gracias a la conjunción de numerosos factores sociales, políticos, éticos y científicos. Dos de estos factores fueron imprescindibles, sin los cuales no se podrían exhibir hoy los impresionantes logros reseñados en este libro. En primer lugar, el coraje, la entereza, la perseverancia, la inteligencia y el sentido profundo de familia, ética y justicia de las Abuelas de Plaza de Mayo. En segundo lugar, el de-

sarrollo extraordinario de la ciencia de la genética y su aplicación al noble fin de proveer la información necesaria sobre la identidad genética de los niños apropiados, requisito indispensable para la recuperación de su verdadera identidad.

Este libro reseña la increíble aventura protagonizada por las Abuelas y genetistas de diversos países, que trabajaron mancomunadamente para desarrollar por primera vez en el mundo el ya legendario “índice de abuelismo”, para probar la relación de parentesco genético entre los niños apropiados y sus abuelos biológicos. Esta gesta comenzó en plena dictadura y transcurrió durante años en las principales capitales de mundo con las Abuelas haciendo de acicate permanente a los científicos, hasta que la formulación del “índice de abuelismo” dio su primer fruto con la identificación de Paula Eva Logares en 1984.

Posteriormente, el progreso científico llevó a perfeccionar las técnicas de identificación genética por medio de los análisis de ADN, facilitando enormemente la tarea de identificar a los niños localizados. A partir de entonces, los problemas que debieron sortearse para hacer cumplir los principios de justicia y del derecho a la identidad fueron más de orden político-social que científico-técnico. Efectivamente, las modernas técnicas de ADN solucionaron las ambigüedades de los análisis anteriores y dejaron al desnudo otros problemas. Éstos han consistido en las mil y una maneras de evadir la justicia que han tenido los apropiadores de niños, la lentitud excesiva de los procesos judiciales, las múltiples oportunidades perdidas y el propio paso de los años. Los aspectos judiciales, psicológicos, humanos y sociales del proceso identificatorio han resultado mucho más complejos que los aspectos genéticos. Y es en esos terrenos en los que hoy se mueven los grupos sociales y técnicos que buscan hacer prevalecer el derecho a la identidad de los jóvenes-adultos apropiados.

En estas páginas el lector encontrará relatos en carne viva de la saga de las Abuelas, los otros familiares, los abogados, los jueces, los psicólogos, los genetistas y muchos actores más, en la digna y hercúlea tarea de hacer que aquellos que fueron apropiados desde niños –muchas veces por

represores vinculados a la desaparición de sus padres—, pudieran recuperar su identidad y con ello su historia personal y social.

Como genetista, me caben dos comentarios que considero esenciales en este tema. En primer lugar, no hay duda que las Abuelas han dado a la genética una oportunidad única, la de redimirse como ciencia ante la sociedad. Ciertamente, la genética había tenido una triste historia durante el siglo pasado, pues estuvo asociada al racismo, a la discriminación, a la violación de derechos reproductivos en nombre de la “eugenesia” y hasta al genocidio. Pues bien, gracias a la gran oportunidad dada por las Abuelas, la genética ha podido ponerse del lado de los derechos humanos y posibilitar la efectivización del derecho a la identidad y la reparación a la grave violación de la apropiación de niños.

El otro comentario es de alguna manera complementario del primero y viene al cruce de lo que el reduccionismo y el determinismo genético están preconizando, es decir representar al ser humano como una “máquina biológica”, minimizando el papel fundamental del medio ambiente en el desarrollo humano, exagerando el papel de los genes en la aparición de enfermedades y generando la falsa idea de que la personalidad, el carácter y las motivaciones psicológicas y sociales de las personas se deben a los genes. La experiencia relatada en este libro, sin embargo, hace justicia al concepto de que el desarrollo humano es la resultante de complejas interacciones entre el genoma y el medio ambiente que lo acompaña durante toda su vida. De la misma manera que no hay genes “criminales”, tampoco los hay responsables de las más sublimes características humanas, como el sentido de solidaridad y el ansia de justicia. Así como la genética ha sido fundamental para que decenas de niños apropiados recuperen su identidad, su historia y sus derechos, es preciso reconocer que la identidad genética no es omnipotente, sino que interactúa con las identidades psicológica, cultural, histórica y social del ser humano, conformando en forma dinámica a lo largo de la vida lo que entendemos como identidad integral.

En este libro el lector encontrará todos los ingredientes de uno de los dramas humanos más tremendos de la historia moderna de Argentina y

el mundo. Por el lado de Abuelas, su instinto de vida y familia, su coraje y perseverancia; por parte de los científicos, su convicción de que la genética podía y debía ponerse al servicio de los derechos humanos. El entorno social y político de esta gesta ética y científica explica tanto los éxitos como las dificultades encontradas en el camino de la justicia y la vigencia plena del derecho a la identidad.

**Profesor de Genética, Escuela de Salud Pública, Universidad de Columbia, Nueva York. Consultor en Genética y Salud Pública, Organización Panamericana de la Salud, Buenos Aires*

1. La noticia

Una mañana de 1979 las Abuelas de Plaza de Mayo leyeron en el diario *El Día* de La Plata una noticia que las llenó de esperanza. “Un hombre que negaba su paternidad fue sometido a un examen de sangre comparativo al del presunto hijo y resultó ser el padre. Ahí se nos prendió la lamparita y se nos ocurrió la idea de utilizar la genética para identificar a nuestros nietos”, recuerda Estela Carlotto, actual presidenta de la institución, y explica:

Por entonces buscábamos mirando las caritas. Más de una vez yo misma he seguido a mujeres que llevaban en brazos a un bebé que se parecía a uno de mis hijos. En ese momento yo ni siquiera sabía si mi nieto era nena o varón, pero recuerdo que seguí a una mujer y después, cuando la tuve enfrente, miré su cara y la del bebé y eran iguales, era la madre evidentemente. O si no, íbamos a la Casa Cuna a ver a los chiquitos, como si eso nos fuera a ayudar en algo... en nada. Pero no teníamos otro argumento, ni natural ni científico. Era decir “tiene que estar acá”.¹

Hacía dos años que las Abuelas participaban de las rondas en la Plaza de Mayo. Allí recibían denuncias anónimas. “Es un matrimonio que nunca tuvo hijos y ahora hay un bebé”, les decía alguien en voz baja. Las Abuelas iban a la casa y se las ingeniaban para llegar a ver al nene.

“Pero no podíamos ir a un juez y decirle ‘este nene es mi nieto porque se parece a cuando mi hija era chica –señala Nélide Navajas, revisora de cuentas la asociación–. Entonces dijimos ‘no, tiene que haber algo, algu-

na prueba contundente”². Rosa Roisinblit, vicepresidenta de Abuelas, describe la situación:

En un principio, cuando nosotras recién empezamos, estábamos buscando criaturas recién nacidas, o que tenían dos o tres años. No teníamos ninguna orientación, no sabíamos cómo hacer las cosas porque no teníamos ningún texto de dónde aprender, el secuestro de niños por razones políticas era algo inédito, no se había cometido en ningún lugar del mundo un crimen parecido. Pero a medida que fuimos trabajando, basándonos en nuestra propia creatividad, llegamos a preguntarnos: “Y cuando ya tenemos un chico, ¿cómo hacemos para identificarlo, cómo hacemos para saber a qué familia pertenece? ¿Cómo reconocerlos? ¿Cómo no equivocarnos?”. Era muy difícil.³

En marzo de 1980, cuando las Abuelas localizaron a las hermanitas Tatiana Ruarte Britos y Malena Jotar Britos, debieron enfrentarse al problema de su identificación. Tenían fotos y otros elementos, pero no eran suficientes. El juez quería una prueba incontrovertible del origen de las niñas. Además habían pasado tres años desde su secuestro y habían crecido.

Las Abuelas comprendieron que ubicar a los chicos era sólo el primer paso. Ahora tenían que probar ante los jueces que los chicos eran efectivamente sus familiares. María Isabel Chorobik de Mariani, ex presidenta de la institución, cuenta:

Pensamos en todo lo posible. Por ejemplo, yo tenía mechones de pelo de mi nieta de antes de que la secuestraran. Los envié a Amnistía Internacional para ver si podían usarlos para identificarla. Recibí una respuesta en que decían que iba a ser difícil, en especial porque el pelo había sido cortado muchos años atrás y no contenía foliculos. Otras preguntaron: “Tengo un diente de leche que guardé de mi nieto, ¿podría usarse para identificarlo?”.⁴

Otras Abuelas también se decían: “Bueno, los chicos secuestrados deben poseer huellas plantares, porque en todas las salas de parto, ni bien nace un bebé, se lo identifica por medio del dedo pulgar de la madre y de las plantas de sus pies”⁵. Era una posibilidad, pero de escaso valor identificatorio: servía para ubicar a un chico recién nacido, con diferencia de días o a lo sumo de dos meses, porque después las plantas de los pies se transforman mucho y muy rápidamente.

Armaron un cuestionario y todas ellas lo completaron, tratando de consignar la mayor cantidad de datos particulares de sus nietos secuestrados y de los padres de éstos: grupos de sangre, gustos, *hobbies*, deficiencias físicas. También se pusieron en campaña para averiguar si una diminuta manchita congénita persistía en el tiempo, cómo podía desarrollarse una hernia umbilical, cuánto tardaba en borrarse la marca de una vacuna.

Pero a todo esto se sumaba otro problema: ¿qué pasaba con los bebés que habían nacido en cautiverio, de los que no quedaba nada tangible? ¿Cómo podían identificarse? Ninguna de las conclusiones a las que se arribara con aquellas técnicas se podía aplicar en los casos de los chicos nacidos en centros clandestinos.

Si querían hallar a sus nietos, las Abuelas debían encontrar un parámetro que les ofreciera certeza. Por eso mismo, cada vez fue delimitándose con mayor nitidez la vía de la sangre, y a partir de que leyeron aquella nota en el diario las Abuelas supieron de la existencia de las pruebas de paternidad.

“Si una persona dice ‘no, este chico no es mi hijo’, con sacarle sangre a esa persona y al chico, se entrecruzan y se sabe si es o no es. Eso se llama filiación –detalla Rosa Roisinblit–. Pero lo nuestro era que los papás estaban desaparecidos. Por eso fuimos a preguntar al mundo cómo podíamos hacer”⁶. ¿Serviría la sangre de las Abuelas?



Estela Carlotto (arriba) y Rosa Roisinblit (abajo), presidenta y vicepresidenta de Abuelas de Plaza de Mayo respectivamente.





Nérida Navajas, revisora de cuentas de Abuelas de Plaza de Mayo.

2. La genética en pocas palabras

El monje agustino Gregor Mendel, en el siglo XIX, fue el primero en hallar un camino científico para los estudios sobre la herencia. Mendel pasaba horas observando lo que ocurría en el jardín del monasterio austriaco donde cursaba teología. Naturalista por afición, empezó a observar parecidos evidentes y decidió estudiar estas semejanzas.

Al cabo de un tiempo logró describir las leyes que rigen la herencia genética. ¿Cómo? Seleccionó diferentes variedades de arvejas y analizó qué sucedía luego de cruzarlas. Cada variedad se caracterizaba por determinados rasgos que se transmitían puros de generación en generación: el color de la semilla, su textura, el color de la flor, entre otros.

Mendel estudió cómo eran las progenies que se generaban y planteó que tanto las plantas como los animales transmitían a su descendencia “factores discretos”, que no se mezclaban unos con otros en la descendencia. Todo individuo llevaba dos copias de cada factor y recibía un 50 por ciento de cada uno de sus progenitores. Estos factores a los que denominó “elementos” o “caracteres” constituían las entidades hereditarias¹.

Las leyes de la transmisión de los rasgos hereditarios establecidas en 1865 por Mendel, y que marcaron un verdadero hito en la historia de la ciencia, recién fueron validadas en el año 1900 por tres científicos que, de manera independiente, redescubrieron las leyes de la herencia y publicaron sendos artículos en un volumen de las Actas de la Sociedad Alemana de Botánica.

La palabra “gen” (en griego, “origen”) fue propuesta en 1909 por el in-

investigador danés Wilhelm Johannsen para designar los elementos o factores de Mendel, y “genética” pasó a designar una rama nueva de la fisiología vinculada al estudio de la herencia. Aunque se había avanzado mucho, el gen era todavía un concepto abstracto y no una realidad física observable. La joven ciencia genética se encontraba frente a dos interrogantes fundamentales: qué eran y dónde se encontraban los genes.

En 1920 el investigador estadounidense Thomas Morgan solucionó la cuestión de la “base física de la herencia”. Él y su grupo de la Universidad de Columbia experimentaron con la mosca del vinagre (también conocida como mosca de la fruta), *Drosophila Melanogaster*, y demostraron que los genes están localizados en los cromosomas².

Desde tiempo atrás se sabía que los cromosomas estaban compuestos por proteínas y ácido desoxirribonucleico (ADN). Pero faltaba saber cuál de estas sustancias funcionaba como soporte de la herencia y en qué precisamente consistían los genes. “Hay que aclarar aquí que la opinión de la mayoría de los investigadores se inclinaba por las proteínas como la base de la herencia, dado que el ADN era considerada, con sus cuatro nucleótidos, una molécula poco interesante”, señala el historiador de la ciencia Miguel de Asúa³.

Mientras algunos científicos de elite se lanzaban a la carrera para ubicar correctamente todas las piezas de ese rompecabezas llamado ADN, hacia 1920 también empezaron a usarse los primeros sistemas biológicos que analizaban la herencia de genes para la investigación del vínculo entre personas. Una medida de la eficacia de estos sistemas está dada por el poder de exclusión de cada uno, que representa el porcentaje de hombres de la población que no podrían ser los padres biológicos de un niño⁴. El investigador Daniel Corach puntualiza:

Hasta principios del siglo XX no era posible excluir la existencia de vínculo biológico de parentesco, al menos desde un punto de vista objetivo y comprobable. La detección de la enfermedad de las transfusiones permitió a Karl Landsteiner descubrir los grupos sanguíneos, también llamados antígenos eritrocitarios. El primer sistema, denominado ABO, permi-

tía descartar posibles vínculos paterno-filiales. La incorporación de nuevos marcadores eritrocitarios y su empleo relativamente simple permitió disponer de una herramienta objetiva que contribuía a la identificación de individuos por comparación. Además de estos marcadores serológicos, se encontró otros, como enzimas séricas (presentes en el suero de la sangre) y proteínas plasmáticas polimórficas, es decir las que pueden variar de un individuo a otro, ya que estas proteínas exhiben varias formas funcionales en la especie humana y la comparación de estas proteínas complementa eficazmente la aportada por los grupos sanguíneos.⁵

No obstante, hasta bien entrado el siglo XX, el bajo poder de exclusión de los sistemas utilizados sólo permitía dar una respuesta irreversible cuando el informe indicaba que el padre sospechado no era el padre biológico. Es decir que incluso aplicando todas las herramientas disponibles seguía siendo muy probable encontrar más de un individuo de la población que compartiera estas características y no fuera el padre biológico buscado.

Ahora bien, lo rudimentario del conocimiento de la genética humana de entonces –aún no se sabía qué eran los genes–, no fue obstáculo para la aparición de pseudoteorías basadas en la ignorancia y la tergiversación de los principios de la genética. El médico Víctor Penchaszadeh ilustra algunas de las consecuencias de esto:

A comienzos del siglo XX, las concepciones racistas y elitistas dominantes en los Estados Unidos impulsaron la promulgación de leyes que permitieron la esterilización involuntaria de decenas de miles de personas catalogadas como “asociales”, “retardados” o “defectuosos”. Es triste recordar que estas prácticas fueron impulsadas por los más connotados genetistas de la época, que sin embargo se basaban en preconceptos y prejuicios totalmente infundados para sus conclusiones. También en Estados Unidos en las décadas del 20 y del 30 se decía que las razas eslavas y los grupos humanos provenientes del sur de Europa eran “genéticamente inferiores” con respecto a los del norte de Europa. Así surgieron leyes de restricción a la inmigración para lo grupos humanos “inferiores”, basados en estos con-

ceptos pseudocientíficos, pero que tenían gran ascendencia en los genetistas de la época. Los países de América latina no fueron inmunes a estas concepciones racistas y clasistas. [...] Finalmente, a mediados de la década del 30 y durante la Segunda Guerra Mundial los nazis cometieron las atrocidades más abyectas usando la “higiene racial” como doctrina.⁶

Para la genética fue gravísimo que fueran justamente los genetistas más prestigiosos de Alemania los que impulsaran y convencieran a los políticos de la justeza de sus apreciaciones, y contribuyeran así a dar una fachada “científica” al genocidio nazi. Luego del triunfo aliado, el desprestigio de la genética humana fue tan grande que demoró varios años en recuperarse.

El gran salto de la genética se produjo en 1953, cuando James Watson y Francis Crick, dos investigadores de la Universidad de Cambridge, Inglaterra, respondieron la otra pregunta fundamental: qué eran los genes. Para descubrir la estructura del ADN Watson y Crick se valieron de una fotografía de difracción tomada por Rosalind Franklin, de la Universidad de Londres.

Así se pudo saber que cada molécula de ADN está constituida por dos cadenas o bandas formadas por un elevado número de compuestos químicos llamados nucleótidos. Estas cadenas forman una especie de escalera retorcida –la “doble hélice”–. En su artículo “La estructura molecular de los ácidos nucleicos: Una estructura para el Ácido Desoxirribonucleico”, publicado el 25 de abril de 1953 en la revista *Nature*, Watson y Crick ya afirmaban que el ADN se podía “desenrollar” para que fuera posible su lectura o copia⁷.

Años después del descubrimiento de Watson y Crick, el ya citado Víctor Penchaszadeh se fue a estudiar genética a los Estados Unidos. Se había recibido de médico y lo apasionaba todo ese tema, en un momento en que muy pocos en la Argentina sabían qué era la genética. Luego de especializarse en genética médica y salud pública en la Universidad de Johns Hopkins regresó a la Argentina en 1971 y se desempeñó en el Hospital de Niños Ricardo Gutiérrez y en la Escuela de Salud Pública de la

Universidad de Buenos Aires (UBA). Si bien no tuvo militancia en ninguna organización partidaria, Penchaszadeh siempre mantuvo una postura pública progresista y de izquierda en torno a los conflictos políticos tanto en el Hospital como en la Facultad. Y esto le costó el exilio. Como él mismo cuenta:

El viernes 19 de diciembre de 1975, durante el gobierno de Estela Martínez de Perón, un grupo de la Triple A me fue a buscar a mi consultorio, en Santa Fe y Callao. Llegaron cuatro tipos, entraron en tropel y me bajaron por el ascensor. Esto pasó los días previos a Navidad, había mucha gente en la calle, cinco de la tarde. Me bajaron con los ojos vendados, las manos atadas atrás y una mordaza en la boca, dos hombres, uno de cada brazo, haciéndome sentir la punta de sus pistolas en mis flancos, diciéndome “no hablés porque sos boleta”. Antes de bajarme dos de los individuos fueron a buscar el auto para llevarme, que no sé dónde lo tendrían, entonces los dos que se quedaron conmigo arriba esperaron un rato y después bajamos. Cuando me bajaron el auto aún no había llegado, entonces ahí detecto un momento de indecisión de ellos y yo, que tenía un cono de visión hacia debajo de la tela adhesiva que tenía sobre los ojos, noto que se empieza a juntar gente, mucha gente, y en eso llega el auto y me tratan de empujar para meterme en el auto... La visión de ese auto me galvanizó, me hizo generar mucha adrenalina, y recuerdo haberme apoyado con una pierna al costado del auto, mientras pensaba “ahí no me tengo que dejar meter”. Y cuando hago fuerza para atrás me caigo, en medio de la avenida Callao, entonces escucho que desde el auto gritan “déjenlo y rajemos”, seguido de portazos y el ruido del auto acelerando y alejándose, y yo quedé tirado en la calle, hasta que inmediatamente la gente que pasaba por ahí me auxilió.⁸

Ese mismo día se había producido un conato de golpe por parte de un grupo de la Fuerza Aérea, encabezado por el brigadier Jesús Orlando Capellini, con el aval de Roberto Viola y Jorge Rafael Videla. A la mañana siguiente aparecieron varios cadáveres en Capital y Gran Buenos Aires. Penchaszadeh nunca más volvió a su departamento. Tres días des-

pués partía al exilio en Venezuela y a los dos meses lo seguirían su mujer y sus dos hijos pequeños. Años más tarde se enteraría de que la Triple A lo fue a secuestrar como pretexto para allanar el Hospital de Niños donde trabajaba.

Vivió cinco años y medio en Caracas, donde trabajó en el Instituto Venezolano de Investigaciones Científicas y, entre otras cosas, fue fundador de la Sociedad Venezolana de Genética. Allí formó parte de grupos de solidaridad con las víctimas de la dictadura argentina.

En 1981 le ofrecieron un puesto de médico genetista en la Escuela de Medicina de Cornell y se radicó en Nueva York, muy cerca de la sede de la ONU, y cerca también de Washington, donde está la sede de la OEA. Por esa época cada vez más argentinos transitaban los pasillos de esos organismos para denunciar lo que ocurría en el país. Penchaszadeh conocería allí a las Abuelas.



Víctor Penchaszadeh, profesor de Genética de la Universidad de Columbia y consultor de la Organización Panamericana de la Salud.

3. Peregrinaje por el mundo

Con el recorte periodístico del diario *El Día* en la mano, las Abuelas fueron a ver a varios médicos amigos para saber si lo que decía el artículo se podía extrapolar a la situación de los niños desaparecidos, pero ninguno les supo dar una respuesta. Las Abuelas no querían excluir a sus nietos, por el contrario, querían incluirlos, introducirlos en sus familias legítimas. Por entonces el médico Jorge Berra, un amigo de las Abuelas, asistió a un congreso sobre hematología que se reunió en San Pablo, Brasil. El propio Berra recuerda:

Allí se nos prometió apoyo a nuestras investigaciones pero, por desgracia, esas promesas después no se llevaron a la práctica. De todas formas, nuestra presencia en dicha reunión tuvo sus aristas positivas, sobre todo desde el punto de vista de la clarificación de los motivos de nuestra lucha. Cuando relaté el problema de los niños desaparecidos, los asistentes se horrorizaron de lo acontecido en Argentina y tanta fue su preocupación que hasta quisieron impulsar un proyecto de ley que estableciera la obligatoriedad de sacar las huellas digitales a los recién nacidos y el envío de las mismas para ser archivadas en tres diferentes países, por si la misma tragedia llegaba a reeditarse en Brasil.¹

Hacia 1980 las Abuelas ya estaban muy al tanto del tema de las técnicas de identificación. Ese año visitaron en París el Hospital de la Pitié y se entrevistaron con el doctor Arnault Tzanck y con otros importantes he-

matólogos de ese centro. La pregunta básica que hacían ellas era la siguiente: “¿Existe un elemento constitutivo de la sangre que sólo aparece en personas pertenecientes a la misma familia?”². Tzanck llamó a diferentes expertos en genética, sangre o transfusiones que trabajaban en el lugar para plantearles el problema.

Las horas pasaban y las Abuelas seguían en la oficina. Cada vez aparecían más médicos, hacían cuentas, revisaban libros y debatían entre sí, pero ninguno encontraba salida al asunto. Finalmente los anfitriones las invitaron con café, les regalaron un cenicero y después de cuatro horas de trabajo las despidieron. Los profesionales se quedaron muy molestos con ellos mismos por no haber podido averiguar lo que las Abuelas pedían³.

“En todos lados preguntábamos. Algunos nos miraban sorprendidos y otros nos prometían seguir investigando. Muchos nunca habían escuchado nada sobre el tema”, dice Estela Carlotto⁴. Las Abuelas siguieron viaje por Alemania, Inglaterra, Italia y Suecia. Carlotto relata la escena que vivió cuando fue al Hospital de Niños de Upsala, en Suecia, especializado en pruebas de paternidad:

Nos recibió un científico del hospital y nosotras, traductora de por medio, le fuimos contando quiénes éramos y lo que necesitábamos, que nos habían recomendado ese lugar y que pensábamos que nuestra sangre servía en reemplazo de la de nuestros hijos que estaban desaparecidos. Le contamos toda la historia y el hombre, un rubio, muy blanco, cuando terminamos de hacerle la charla, lo volvimos a mirar más detenidamente. Se había rasguñado todo, le entró tanto el tema, no podía entender que pasaran estas cosas. Lo cierto es que lo fuimos sensibilizando de tal manera que terminó todo despeinado y con toda la cara rasguñada, de los nervios, nos dio mucha pena verlo así pero después, a la vuelta, nos reíamos por su reacción.⁵

En 1982 las Abuelas hicieron una gira por 12 países, pero en ninguno encontraron soluciones concretas. En noviembre de ese año viajaron a Washington para participar de la asamblea general de la Comisión Inter-

americana de Derechos Humanos (CIDH) de la OEA. Allí estuvieron con una argentina que vivía en los Estados Unidos, Isabel Mignone –hija del fundador del Centro de Estudios Legales y Sociales (CELS), Emilio Mignone–, quien ya estaba enterada de que las Abuelas buscaban algún método genético para identificar a sus nietos. Mignone les pasó el teléfono de un médico argentino, exiliado también, que vivía en Nueva York. Las Abuelas iban precisamente a Nueva York pues debían realizar gestiones en la sede central de la ONU.

THE LINDSLEY E. KIMBALL RESEARCH INSTITUTE
of The New York Blood Center

310 East 67 Street, New York, N.Y. 10021



Fred H. Allen, Jr., M.D.A.B.P.
Leon N. Sussman, M.D.F.A.C.P.

Evelyn K. Sussman
Laboratory for Genetics Services
(212) 570-3005

Nov 14, 1983

Dear Dr. Penchaszadeh,

Enclosed are 2 copies of the Mayo paper.
The title may be misleading. This is about
cases where one parent is missing, but only
1. You are interested in cases where both
parents are missing but grandparents are
available.

The calculations for grandparents seem
to be quite simple, but I have not checked
them out with Newton master. Use of uncles
or aunts is not so simple.

It was good to meet you. I hope I can
be helpful in the future.

Sincerely,

Fred Allen

14 de noviembre de 1983. Carta manuscrita de Fred Allen, por entonces director del Blood Center de Nueva York, a Víctor Penchaszadeh, en donde hace referencia a la problemática de las Abuelas.

December 2, 1983

Fred H. Allen, Jr., M.D.
The New York Blood Center
310 East 67 Street
New York, New York 10021

Dear Dr. Allen:

Thank you very much for your letter of November 14, 1983 and the copy of the article by W.R. Mayr. In the meantime, I was able to locate two papers from a group in Japan dealing with the issue of absent father and mother. Please find enclosed copies of these articles.

I will keep in-touch with you to examine the possibility of helping the "Abuelas de Plaza de Mayo" in their quest for justice.

Sincerely yours,

Victor Penchaszadeh, M.D.
Medical Geneticist

VP:mm
encs.

2 de diciembre de 1983. Respuesta de Víctor Penchaszadeh a Fred Allen. "Me mantendré en contacto con usted para estudiar la posibilidad de ayudar a las Abuelas de Plaza de Mayo en su reclamo de justicia", escribe Penchaszadeh.

THE LINDSLEY E. KIMBALL RESEARCH INSTITUTE
of The New York Blood Center

310 East 67 Street, New York, N.Y. 10021



Fred H. Allen, Jr., M.D.A.B.P.
Leon N. Sussman, M.D.F.A.C.P.

Evelyn K. Sussman
Laboratory for Genetics Services
(212) 570-3005

May 24, 1984

Sra. Presidenta
Asociacion Abuelas de Plaza de Mayo
Maria Isabel ch. de Mariana
Montevideo No. 459, Apt. 7B
1019 Buenos Aires, Argentina

Dear Maria:

It was good to see you again yesterday. I admire your courage and devotion to the task of finding the missing children and will do anything I can to help you.

The following paragraphs are a summary of much of what was said at our meeting:

The blood-typing tests that we do in cases of disputed paternity are:

Red cells (ABO, MNSs, Rh, Kell, Duffy, Kidd) - average exclusion probability for non-fathers = 75%.

Serum proteins (Haptoglobin, Gm, Km, Gc, Tf, C3 - average exclusion = 71%.)

Red cell enzymes (acid phosphatase, phosphoglucomutase, glyoxalase, esterase-D -- average exclusion = 61%)

HLA average exclusion = 95%. Red cells plus proteins plus enzymes provide an exclusion probability of 97% for non-fathers. The total, including HLA, is 99.86%.

The exclusion probabilities when only grandparents are available for testing is lower than when both parents can be tested, but it is high enough to be useful.

24 de mayo de 1984. Carta de Fred Allen a María Estela Chorobik de Mariani, en aquel momento presidenta de Abuelas. Allen explica los métodos disponibles en ese momento para análisis de paternidad y ofrece los servicios del Blood Center para realizar las pruebas.

THE LINDSLEY F. KIMBALL RESEARCH INSTITUTE
of The New York Blood Center

310 East 67 Street, New York, N.Y. 10021



Fred H. Allen, Jr., M.D.A.B.P.
 Leon N. Sussman, M.D.F.A.C.P.

Evelyn K. Sussman
 Laboratory for Genetics Services
 (212) 570-3005

-2-

The calculation of probability of paternity in the case of a non-excluded alleged father, when all the above-named tests are done is usually above 99.8% and only rarely below 99%. The similar figure for grandparents when both parents are missing is lower, but would seldom be below 98% if all four are truly the grandparents. (This figure of 98% is an estimate on my part, based on what information I have at present.)

The Evelyn Sussman Laboratory for Genetic Services at The New York Blood Center would be happy to do any of the tests listed above on your families. If one of the grandparents is not available, the testing of any of their children would be useful. If we can be reimbursed for our expenses, it would be fine, but we would do the work in any case.

I will gladly do the calculations myself, on my own time, and would not want reimbursement. The calculations would be done on reports from the laboratories in Argentina, as well as work done here. I suggest that the HLA and red cell tests be done in Argentina and the results be sent to me. If the results of my calculations are not satisfactorily high, you can then send blood samples here for testing of proteins and enzymes.

Blood samples sent to us should be as fresh as possible and carefully labeled with name and relationship. Sterile empty tubes should be used and the sample allowed to clot. Refrigeration at 40-50°F is desirable. The samples should arrive at our laboratory within 24 hours of being taken, if possible. The samples should be accompanied by a printed pedigree showing the names and relationships of each person.

Samples should be delivered to me or to Dr. Leon Sussman between 8 am and 3 pm on a Monday, Tuesday, Wednesday or Thursday. Early in the week is better than later. If possible, I would suggest that delivery be made by the person who brings them from Argentina, rather than by an unknown party.

I hope very much that your program will be successful and I also hope that I shall be able to contribute significantly to your success.

Sincerely yours,

Fred H. Allen, Jr., M.D.

FHA/jms

4. Encuentro en Nueva York

En Nueva York hicieron las gestiones que tenían que hacer ante la ONU y luego fueron al estudio de una artista plástica y experta en computación. La visita no respondía a un interés estético. Por ese tiempo las Abuelas barajaban otras posibilidades además de la sangre para identificar a sus nietos. Por ejemplo, lo que se conocía como “identificación morfológica”.

La artista, de apellido Burton, les mostró sus cuadros, artefactos y diseños, hasta que les presentó su última invención, la “Máquina de la Edad”, que supuestamente permitía saber la cara que una persona tendría en el futuro. Las Abuelas creían todavía que era posible confeccionar un identikit de los chicos desaparecidos y empapelar las calles del país con sus rostros¹.

Pero pronto advirtieron que este método no les serviría de mucho. La mayoría de sus nietos había nacido en cautiverio, o sea que no tenían fotos. Del resto de los niños, los que habían sido secuestrados, las fotos eran muy difusas. Y si algo faltaba para convencerlas de que la “Máquina de la Edad” no era lo que estaban buscando, Burton las convenció cuando les dijo lo que salía el análisis. “Alrededor de mil quinientos dólares, así que salimos corriendo, porque no teníamos ese dinero”, recuerda Estela Carlotto².

Las Abuelas volvieron al hotel donde se alojaban, sobre la calle Lexington. Habían quedado en juntarse en el bar del hotel con Víctor Penchaszadeh, el médico genetista argentino exiliado en Nueva York que les fuera recomendado por Isabel Mignone.

Penchaszadeh hacía un año que trabajaba en el Hospital Mount Sinai de Nueva York y conocía el tema de las Abuelas, de hecho integraba el Argentine Information Service Center (AISC), una comisión de argentinos por los derechos humanos, y estaba informado sobre todo lo que ocurría en el país. Aún así quedó impactado cuando las conoció. “La pasión, esa mezcla de sufrimiento y fortaleza, la determinación de que no hay obstáculo que las va a parar, esa era la impresión”, refiere Penchaszadeh³.

Durante la charla las Abuelas le preguntaron si era posible probar la identidad de niños cuyos padres estaban desaparecidos contando sólo con posibles abuelos y otros parientes colaterales. Penchaszadeh fue consciente en ese momento de que la sociedad le estaba haciendo un reclamo a la ciencia genética, y de que esa realidad social debía generar una respuesta de ciencia.

¿Qué les dijo Penchaszadeh a las Abuelas? Les explicó que sí, que la ciencia podía tener respuesta a sus reclamos, pero que para pasar de la posibilidad a la realidad había que investigar el estado del arte de la identificación de personas ya que la de los niños desaparecidos era una situación inédita en el mundo. Él mismo detalla:

Les dije que había posibilidades de estudiar los parentescos usando productos génicos de la sangre. La complicación, en este caso, es que cuanto más lejano es el parentesco, menos eficacia tiene la prueba. Es decir que si se tienen muestras de los papás y un hijo, es más directo, pero si no se tienen muestras de los papás, se pasa a depender de estudios de los abuelos o de parientes colaterales, tíos, primos, etcétera, lo que es más indirecto. La variabilidad propia de las pruebas cuando el análisis está basado en los productos génicos, genera más incertidumbre. En realidad se debe inferir por estudios de antígenos, ya sea eritrocitarios [grupos sanguíneos], o de histocompatibilidad [antígenos de trasplante]. Entonces se puede decir: “Si este señor es AB, tiene el gen para el grupo A y el gen para el grupo B”. Pero si es A, no se sabe si ese señor es AA o AO. Y con la histocompatibilidad sucede algo parecido. Cada persona tiene para cada *locus* dos alelos [variantes de un gen], que pueden ser iguales o diferentes, y

esto lleva a inferencias que pueden llegar a ser muy complejas y que pueden generar incertidumbre en la identificación de lazos de parentesco. Pero me acuerdo que les dije a las Abuelas: “Miren, esto es algo que hay que estudiar, no hay experiencia internacional de identificación de nietos a partir de abuelos, pero hay todas las razones para ser optimista”.⁴

De inmediato Penchaszadeh contactó a las Abuelas con el prestigioso hematólogo Fred Allen, por entonces director del Blood Center de Nueva York. El propio Penchaszadeh hizo las veces de traductor en aquel encuentro. Allen, un hombre mayor a esa altura, había sido uno de los creadores del método de cambio total de sangre de los bebés recién nacidos con problemas de factor Rh negativo.

Junto con el subdirector del Blood Center, el chileno Pablo Rubinstein, Allen escuchó el relato de las Abuelas. “Cuando le planteamos nuestro tema –recuerda Nérida Navajas– nos vio tan desesperadas que nos dijo: ‘Denme tiempo, yo me voy a ocupar, algo vamos a poder hacer’”⁵. Allen les sirvió café, se puso a hacer cálculos y dijo que había que adaptar las fórmulas estadístico-matemáticas que se usaban para las pruebas de paternidad, pero que para esto había que trabajar.

La misma respuesta obtuvieron un día después, en Washington, adonde volvieron para reunirse con Eric Stover, director del programa de Ciencia y Derechos Humanos de la Asociación Americana para el Avance de la Ciencia (AAAS, según sus siglas en inglés). Su reacción fue de apoyo y atención cuando las Abuelas le preguntaron cómo podían aplicarse los análisis genéticos para determinar abuelidad. Stover cuenta:

Las Abuelas vinieron a mi oficina y empezamos a hablar. Nunca lo olvidaré. Ya habían visto a Penchaszadeh. Discutí la cuestión con Cristián Orrego, un científico chileno que trabajaba en los National Institutes of Health [NIH], y él se puso en contacto con investigadores de Stanford, que lo derivaron a Mary-Claire King, una genetista de Berkeley, California, como una persona que podía ayudar a elaborar el tratamiento estadístico necesario.⁶

La gente de la AAAS prometió a las Abuelas profundizar los estudios para obtener el índice de abuelidad, y en los Estados Unidos quedó establecida una dinámica de trabajo entre Penchaszadeh, Allen y los científicos de la AAAS. Hasta entonces era todo puramente teórico, todavía había que trabajar mucho.

Enseguida se sumó a la investigación del tema Mary-Claire King, especialista en epidemiología genética, muy vinculada a científicos que se ocupaban de variación genética a nivel poblacional, y todos, unos en Nueva York, otros en California, se pusieron a ver cómo se podía hacer para identificar a los hijos de desaparecidos apropiados por la dictadura argentina. Penchaszadeh repasa el proceso de trabajo:

Primero estudiamos el tema, nos documentamos sobre todo lo referido a lograr la inclusión en casos de parentesco, que aún estaba desarrollándose. Se había desarrollado el tema de las pruebas de paternidad pero también había cosas intermedias, reportes de casos, en donde se reconstruían los lazos de parentesco, por ejemplo cuando faltaba el padre o la madre. Me reuní con Fred Allen varias veces en Nueva York, y entré en contacto con Mary-Claire King, con Pierre Darlu, con Luigi Luca Cavalli-Sforza, que era un poco el maestro de Mary-Claire King, y entonces empezamos a trabajar juntos el tema de sacar una formulación a esta temática. O sea, buscábamos de qué manera se podía transformar la probabilidad estándar o tradicional de prueba de paternidad en una probabilidad cuando faltan los padres. Esto requirió ejercitación matemática, y ahí el que más trabajó fue Darlu, pero fue una tarea de equipo, trabajamos todos juntos.⁷

Después de un año de trabajo, en octubre de 1983, y con la llegada de la democracia, las Abuelas recibieron una llamada desde Washington de la AAAS y al poco tiempo viajaron hacia allí. El científico Cristián Orrego les informó que el tema que tanto las preocupaba había sido incluido en el Simposio Anual del organismo que iba a realizarse en mayo de 1984 en Nueva York.

“¿Podemos ir al simposio?”, preguntaron las Abuelas, a lo cual Orrego respondió: “Son ustedes las que han originado toda esta investigación. ¿Cómo no van a poder ir? ¡Por supuesto que tienen que estar ahí! Además quiero que allí cuenten sus historias, que, en definitiva, son las que le dan valor a este descubrimiento”⁸. Orrego, especialista en genética molecular y doctor en bioquímica, había quedado impresionado por el ingenio de las Abuelas. “La idea que tenían –explica–, y que efectivamente les pertenecía, consistía para usar la genética para confirmar una prueba circunstancial”⁹.

Tal como les había adelantado Fred Allen, las Abuelas supieron que ahora sí era posible establecer los lazos de parentesco con sus nietos a través del análisis de distintos tipos de marcadores genéticos. “El papá y la mamá no estaban, pero estaba la criatura –explica Nélide Navajas–, y de la mamá estaban los abuelos, los tíos, los primos, y de la parte paterna lo mismo, podía faltar un abuelo pero había tíos y hermanos. Cuanta más sangre se obtuviera, mejor, esto era la histocompatibilidad”¹⁰.

Los antígenos de histocompatibilidad (HLA, según sus siglas en inglés) son moléculas proteicas que se encuentran en las membranas de todas las células y se encargan de diferenciar lo propio de lo ajeno. En los trasplantes son las responsables también de que un órgano de un dador sea aceptado o rechazado por un receptor. Es decir que cuanto “más parecidos” son los antígenos de histocompatibilidad de dos personas, mayor es la probabilidad de que el receptor no rechace el órgano del donante.

La genética reconoció que esta variabilidad en el HLA de las personas podía usarse como una “medida de la semejanza de los individuos” y, por consiguiente, utilizarse para el análisis del vínculo biológico entre las personas¹¹. Penchaszadeh da más precisiones sobre el HLA, que por entonces se convirtió en una buena herramienta para determinar vínculos de paternidad, hermandad y abuelidad:

Aún no había técnicas de ADN, la identificación genética se hacía con análisis de productos génicos, no del ADN sino de lo que produce el ADN, decenas de miles de proteínas de miles de géneros. Algunos de

esos productos génicos sirven para la identificación, productos sanguíneos, siguiendo por enzimas, que tienen variabilidad genética, la cual también se expresa como variabilidad en los productos de esos genes, en las enzimas, comunes, diversas, todas tienen variantes de acuerdo a las variantes del ADN. Una enzima puede tener varias formas, A, B, C, D... En la población, hay gente que, de la misma manera que con los grupos sanguíneos, puede ser A, otra B, otra AB, todo eso depende de la secuencia del ADN. En esa época no se estudiaban secuencias de ADN porque no había tecnología para hacerlo, en cambio sí se estudiaban los productos. Y otros productos génicos son los antígenos de histocompatibilidad, que ya se usaban para trasplantes. Para un trasplante se necesita que el receptor y el dador del órgano, vivo o muerto, tengan el mismo grupo de histocompatibilidad. ¿Por qué? Porque los antígenos de histocompatibilidad tienen mucho que ver con la respuesta inmunológica y con el rechazo al trasplante. Y lo que tienen de particular esos *loci*, los lugares donde están los genes, es que hay una variabilidad muy grande, así como en grupos sanguíneos hay cuatro o cinco variantes, en los genes que producen los antígenos de histocompatibilidad hay cuatro, A, B, C y D, y cada uno tiene decenas de variantes, o sea que la probabilidad de que dos personas no emparentadas tengan la misma combinación de esas variantes es muy baja. Entonces ya desde esa época los antígenos de histocompatibilidad se empezaron a usar para pruebas de paternidad.¹²

Todavía faltaba un tiempo para que los secretos de los genes y del ADN salieran a la luz y se desarrollaran los métodos de identificación que hoy todos conocen, pero el paso más grande se había dado. Y esto gracias a las Abuelas. El próximo paso sería encontrar el lugar y los profesionales idóneos para llevar a cabo esta tarea en la Argentina. La dictadura recién terminaba y los intereses que querían frenar la búsqueda de justicia eran muy fuertes.

5. El caso de Paula Eva Logares

Una de las primeras medidas del gobierno de Raúl Alfonsín fue la creación de la Comisión Nacional sobre Desaparición de Personas (CONADEP), con el objetivo de determinar qué había pasado con las víctimas de la represión ilegal durante los ocho años de la dictadura militar.

Miles de personas fueron entrevistadas por la Comisión, en tanto que las Abuelas y el resto de los organismos de derechos humanos aportaron gran cantidad de información adicional. Hacia junio de 1984 se habían detallado la desaparición de 8.970 personas y el secuestro de 145 niños, aunque según las estimaciones el número de desaparecidos de unos y otros era mucho mayor.

La CONADEP ordenó la excavación de cientos de tumbas colectivas, pero las exhumaciones se realizaron de manera insensible y primitiva, ya que miles de huesos se apilaban junto a las tumbas abiertas, lo que hacía imposible cualquier tipo de identificación.

Frente a esta situación de destrucción de cuerpos y pérdida de información, en febrero de 1984 las Abuelas se reunieron con la CONADEP e instaron a la comisión a ponerse en contacto con Eric Stover en la AAAS, para pedirle su asesoramiento sobre los procedimientos adecuados que había que emplear. Las Abuelas insistieron en que Mary-Claire King se sumara a la comitiva para trabajar en el análisis genético.

El médico René Favalaro, integrante de la CONADEP, les había sugerido que trabajaran con los médicos Emilio Haas y Luis Verruno y llegó a concertar una reunión entre ellos y las Abuelas. “Nos recomendaron a

Verruno y Haas porque les pareció que lo que ofrecían era súper bueno, tenían todas las maquinarias, los instrumentos y el *know how*. Pero nosotras por supuesto investigamos quiénes eran, y ahí nos enteramos que Luis Verruno, uno de los socios, trabajaba para el Hospital Militar. Y lo impugnamos”, dice Estela Carlotto¹.

Los dos médicos impugnados por las Abuelas luego tendrían su propio laboratorio, el Primer Centro Argentino de Inmunogenética (PRICAI), en el segundo piso de la Fundación Favalaro². Este laboratorio, con los años, iría acumulando antecedentes desfavorables que darían la razón a las Abuelas. Una de sus dudosas intervenciones se produjo en el caso de un juez, Gustavo Smuclir, quien se rehusaba a reconocer a su hijo y los peritos, que trabajaban habitualmente con el juez, ocultaron los resultados positivos del examen. Cinco empleados del PRICAI fueron apartados de la causa y el autor del informe y director del laboratorio, Eduardo Raimondi, recibió un “severo y formal llamado de atención” por sus “inaceptables omisiones” por parte de la jueza que llevaba la causa³.

Matrimonios acusados de apropiación también recurrirían al PRICAI y nuevamente se comprobarían omisiones en los estudios. Finalmente el PRICAI cobraría notoriedad nacional por las pericias que realizó en el caso María Soledad Morales. Entonces fue contratado por el gobierno de Catamarca para que confrontara las cadenas de ADN del semen encontrado en el cadáver de María Soledad con la sangre de 18 sospechosos, pero no llegó a ningún resultado. La periodista Victoria Ginzberg puntualiza:

El único aporte que hizo el PRICAI a la causa fue ratificar que María Soledad era hija de Ada y Elías Morales. Y por eso recibió 19.950 dólares [...] Según una investigación publicada por Página/12 en ocasión de las irregularidades en las pericias del caso María Soledad, el PRICAI no tiene buena reputación entre la comunidad científica vinculada a la inmunogenética. En los últimos años se dedicó a hacer estudios sobre compatibilidad de órganos ante posibles trasplantes en unas 3.000 familias, pero utilizó la información para hacer una investigación sobre paternidad, cosa que no había sido consultada con los pacientes.⁴

En junio de 1984 todo el episodio culminó con la renuncia de Favalaro a la CONADEP y con la llegada de la comitiva de la AAAS al país para colaborar en las exhumaciones y hacer recomendaciones con respecto a la identificación de los desaparecidos. La delegación estaba integrada por Mary-Claire King, Cristián Orrego y tres científicos forenses. A poco de arribar Mary-Claire King se reunió con las Abuelas en la vieja sede de la calle Montevideo 434. Dibujó el árbol genealógico de una hipotética familia compuesta por cuatro abuelos vivos, los padres desaparecidos, y un niño que podía o no estar relacionado con ellos.

Luego les preguntó a las Abuelas si se podía obtener una pequeña muestra de sangre de cada abuelo y del niño. “Los abuelos va a ser fácil”, dijeron las Abuelas, “y podemos lograr una orden judicial para analizar al chico”⁵. King les explicó que de este modo, adaptando las formulaciones matemáticas de la posibilidad de inclusión de paternidad, se podía calcular la probabilidad de que ese *set* de abuelos fueran efectivamente los abuelos reales del niño analizado. Mary-Claire King les hizo un breve resumen de la ciencia genética:

El material hereditario está constituido por genes. Los genes son segmentos de ADN, que contiene la información necesaria para que las células del cuerpo fabriquen productos con función biológica, como enzimas, hormonas, grupos sanguíneos y otras proteínas. Los genes existen de a pares llamados alelos, uno heredado de su madre y el otro de su padre. Cada padre, a su turno, heredó un alelo de la abuela y uno del abuelo. En consecuencia, por cada gen, los alelos del niño serán copias de los alelos de sus abuelos. Si los alelos del niño, para cierto gen, no son equivalentes a los de cada uno de sus abuelos, podemos decir inmediatamente que el niño no es miembro de esa familia. No obstante, si por cada gen el niño tiene un alelo presente en los abuelos maternos y el otro en los paternos, puede estar relacionado con la familia. Por cada gen podemos calcular las posibilidades de que exista una relación biológica. Analizando los grupos sanguíneos no podemos saber mucho. Un niño y cuatro abuelos pueden

compartir el grupo o, pero la mitad de la población argentina tiene grupo o. El grupo o no es útil para establecer la identidad de un niño. Lo que necesitamos son genes que tengan diferentes alelos en la población, ya que la variación de ciertos alelos en un niño y dos abuelos puede ser muy útil para reflejar una relación biológica.⁶

Algunos de los genes con mayor variedad son aquellos que determinan los antígenos de histocompatibilidad o HLA. Las combinaciones posibles de alelos de HLA en un individuo son tantas que es casi imposible que dos personas no emparentadas puedan tener la misma combinación.

Sin embargo, en 1984, el análisis de HLA estaba sujeto a varias limitaciones en la práctica: la principal, era que resultaba indispensable disponer de sangre fresca para hacer los análisis. Aún no había aparecido en la Argentina un laboratorio capaz de hacer los análisis de HLA, y Mary-Claire King sabía que transportar cientos de muestras de sangre desde la Argentina a los Estados Unidos sería una verdadera pesadilla logística.

Las Abuelas se comunicaron nuevamente con Fred Allen y con Pablo Rubinstein, del Blood Center de Nueva York, y les contaron el problema al que se enfrentaban: que no encontraban en el país especialistas capacitados para llevar adelante la tarea de identificar a los niños desaparecidos y que los científicos que se habían ofrecido para hacerlo estaban fuertemente relacionados con la dictadura. Rubinstein les pasó un dato: la doctora Ana María Di Lonardo, jefa de la unidad de Inmunología del Hospital Durand de Buenos Aires, contaba con un laboratorio completamente equipado para realizar el trabajo de identificación⁷.

De inmediato las Abuelas pusieron en contacto a Mary-Claire King y a Ana María Di Lonardo y éstas empezaron a trabajar juntas en los primeros análisis de HLA. King encontró que efectivamente toda la técnica y todos los aparatos del Durand eran de última generación. Conversó y dejó instrucciones por su especificidad a Di Lonardo y mientras tanto se hizo un examen de sangre hipotético con dos abuelas de la institución y su nieta, y mediante este sistema de HLA se estableció fehacientemente

la inclusión y se corroboró que se podía incluir un nieto en una familia en ausencia del padre. Penchaszadeh recuerda:

Mary-Claire King trabajó con Ana María Di Lonardo el caso de Paula Eva Logares, pasaron muchas horas en el laboratorio, se concentraron en toda la parte de estadística. Cuando Mary-Claire volvió a los Estados Unidos, se dedicó a dar un soporte técnico y científico a la identificación de niños apropiados. Probar que alguien no es el padre o madre de un niño es muy fácil, pero el asunto de probar que sí sean los padres es más difícil, sobre todo si no se pueden analizar los padres y se depende del estudio de los abuelos. Esto requería formulaciones estadísticas bastante complejas, puesto que en lugar de los padres había que operar con los abuelos y otros parientes colaterales. Ahí el otro personaje que participó para crear la prueba probabilística fue Pierre Darlu, un matemático francés de la Universidad de París, que estaba trabajando en la Universidad de Stanford, California. Hubo que reconstruir los genotipos de los diferentes integrantes de la familia, y así fue como Paula Logares fue identificada, la probabilidad dependía de qué marcadores se usaran, encontrar variantes raras tiene más valor, y esto fue lo que se hizo en 1984. Después aparecieron otros casos y la técnica se fue refinando.⁸

Paula Eva Logares (el caso al que refiere Penchaszadeh) nació el 10 de junio de 1976 y desapareció junto con sus padres Mónica Grinspon y Claudio Logares el 18 de mayo de 1978 en Montevideo, en donde residían desde hacía un tiempo. En julio su abuela Elsa Pavón de Aguilar comenzó la búsqueda en Uruguay, pero sin éxito, y en agosto conoció a las Abuelas.

Elsa dejó de trabajar y se dedicó de lleno a la búsqueda de sus hijos y de Paula. En uno de los viajes a Brasil la organización CLAMOR entregó a las Abuelas una foto que había llegado con una denuncia. Cuando vieron la foto no dudaron: se trataba de Paula.

Paula estaba en manos del subcomisario de la Policía Bonaerense Rubén Lavallén, quien la había anotado bajo el nombre de Paula Lavallén

y como nacida en 1978, es decir que la niña vivía como si tuviera dos años menos. Las Abuelas localizaron el domicilio del policía.

Elsa viajaba desde Banfield hasta Chacarita para poder ver aunque sea desde lejos a su nieta. Una de sus guardias coincidió con la llegada de Paula del colegio. Elsa la vio de espaldas y la reconoció. Lucía un guardapolvo rosa, de jardín, cuando en realidad ya debería estar en la escuela primaria⁹.

En diciembre de 1983, el primer día hábil de democracia, se interpuso la denuncia por el caso de Paula ante el Juzgado Federal N° 1. Pero la niña tenía ya un documento, por lo cual había que demostrar que su identidad era falsa. Las Abuelas obtuvieron una orden judicial para sacar sangre a la niña y, paralelamente, consiguieron muestras de sangre de los hermanos de Mónica Grinspon, de su hermana, de su madre, y de los padres de Claudio Logares.

La sangre de todos ellos fue analizada por el método de HLA en el Hospital Durand. El padre de Mónica había muerto poco después del secuestro de su hija y de su nieta. Sin embargo Mary-Claire King y la gente del Durand pudieron reconstruir su información genética a partir de la de sus otros hijos (los hermanos y hermana de Mónica). Una vez hechos los análisis quedó claro que Paula Lavallén podía ser miembro del grupo familiar Logares-Grinspon. La evidencia venía del hecho de que cada tipo de HLA es muy poco frecuente, y la posibilidad de que otra niña compartiera con esta familia tanta información genética como compartía Paula era menor a una en mil.

Las Abuelas llevaron los análisis a la Justicia. Hasta entonces Lavallén y su esposa afirmaban –por todos los medios de comunicación– que Paula era su hija biológica. El juez les reconoció el derecho a hacerse también los análisis para demostrarlo. Lavallén no quiso y empezó a argumentar que eso significaría una violación de su intimidad, pero dejó de manifestar que Paula era su hija biológica.

El juez aceptó la evidencia de que Paula era la nieta apropiada de los Logares-Grinspon y parecía que todo estaba preparado para su restitución. De todas formas Lavallén apeló el fallo diciendo que su familia era

la única que Paula recordaba y que sacarla de su “hogar” sería más traumático que si siguiera viviendo con ellos. La Justicia aceptó este argumento y dio marcha atrás con la decisión previa.

En noviembre de 1984 las Abuelas presentaron el caso de Paula ante la Corte Suprema de Justicia y la Corte, un mes más tarde, ordenó que Paula volviera con sus abuelos. La niña fue dada en guarda a su abuela Elsa, quien la llevó a su casa, adonde Paula había estado por última vez cuando tenía un año y medio. La niña caminó por la casa y se detuvo en la puerta de la habitación que había sido suya. Abrió, miró la cama, y preguntó: “¿Dónde está mi osito de peluche?”¹⁰

El caso de Paula Eva Logares fue el primero donde la filiación se comprobó a través de estudios genéticos. A partir de este caso, el entonces secretario de Salud de la Municipalidad de Buenos Aires, Teodoro Puga, decidió que Ana María Di Lonardo sería la encargada de trabajar todos los casos de chicos desaparecidos que fueran apareciendo a través de la Justicia.

Con la eficacia demostrada de la técnica de HLA y la cuestión del lugar para hacer los análisis resuelta, las Abuelas se pusieron a trabajar en la ley para la creación de un banco de datos genéticos. Su gran preocupación era la aceptación que iban a tener los exámenes entre los jueces. Las idas y vueltas en el caso Logares confirmaban su preocupación.

“Además el ochenta por ciento de los jueces venía de la dictadura –sostiene Estela Carlotto– y con ellos ya habíamos tenido serios inconvenientes. De ninguna manera se podía trabajar con la Justicia en esa época, no había forma, era indispensable una ley”¹¹. Pero para esto faltaba. El presidente Raúl Alfonsín sólo la había recibido una vez –en 1983, junto con otros organismos– y su política de derechos humanos ya comenzaba a mostrar fisuras.



DEPARTMENT OF HEALTH & HUMAN SERVICES

Public Health Service

Laboratory of Molecular Biology

National Institutes of Health
Bethesda, Maryland 20205
Building : 36
Room : 3D02
(301) 496- 6574

1 de Junio de 1984

Dr. Victor Penchaszadeh
Cornell University Medical College
Division of Genetics
North Shore University Hospital
300 Community Drive
Manhasset, New York 11030

Estimado Victor,

He pensado que sea útil que tengas a mano el Curriculum Vitae de la Dra. Mary-Claire King. Incluyo copia extra para la Delegación Abuelas.

Mary-Claire King colabora a menudo con el grupo de L.L. Cavalli-Sforza, profesor de genética de la Universidad de Stanford, y fue recomendada por este último. Incluyo también C.V. de Cavalli, miembro de la Academia Nacional de ciencias de este país, eminente especialista en genética humana. El interés y la participación de King, Cavalli-Sforza y de su colega el Dr. Pierre Darlu ofrece la oportunidad de agregar al trabajo de las Abuelas un excelente asesoramiento técnico en el área de identificación de nietos(as) por marcadores genéticos.

Te quisiera pedir que a la vuelta del viaje de King a la Argentina y antes de tu viaje a Buenos Aires, tomes contacto con ella. Es probable que también sea útil que King discuta con el Dr. Fred Allen del New York Blood Bank sus impresiones y recomendaciones derivadas del viaje. Por favor trata tu de concertar eso, ya que sospecho que a mi vuelta de Sud-América tendré que retomar mis actividades aquí con cierta intensidad y no poder dedicar toda la atención que quisiera al trabajo en genética para la identificación de los niños. Desde ya te pediría que le hicieras llegar C.V.'s de King y Cavalli al Dr. Allen.

Recibe un cordial abrazo mío.

Cristián Orrego, Ph.D.
Investigador Visitante

cc: M.C. King
M.I. Chorobik
Carlos y Ebe Martínez Vidal
E. Stover

1° de junio de 1984. Carta de Cristián Orrego, doctor en bioquímica de la Asociación Americana para el Avance de la Ciencia, a Víctor Penchaszadeh, en la cual recomienda la participación de la genetista Mary-Claire King en la investigación para identificar a los niños desaparecidos.

STANFORD UNIVERSITY SCHOOL OF MEDICINE
STANFORD, CALIFORNIA 94305

DEPARTMENT OF GENETICS
(415) 497 5052

Stanford, 6/11/84

Dr V.B. Penchaszadeh
Child Development Center
Division of Genetics
North Shore University Hospital
300 Community Drive,
Manhasset N.Y.11030

Dear Dr Penchaszadeh,

Please find herewith a first draft of my communication at the AAAS congress in New York last month. I hope you'll receive it before your departure to Argentina. Thanks to send to me all yours comments and suggestions to improve it (including english...). The ultimate manuscript should be better than this first draft. However the essential development has been already included.

Sincerely yours

Pierre DARLU



P.S note my adress after the end of July :

Groupe de recherches de genetique epidemiologique, U155, INSERM
Chateau de Lonchamp, Bois de Boulogne, F-75016 PARIS

6 de noviembre de 1984. Nota del matemático francés Pierre Darlu a Víctor Penchaszadeh. Adjunta a la nota, Darlu incluye un primer borrador con el desarrollo estadístico de lo que luego sería el "índice de abuelidad".



MUNICIPALIDAD DE LA CIUDAD DE BUENOS AIRES

Buenos Aires, 3 de julio de 1984.-

Visto la Carpeta N° 1482-BSPMA-84; y

CONSIDERANDO:

Que la Comisión Nacional sobre la desaparición de personas (C.O.D.E.P.), propone la creación de una Comisión, que sobre bases científicas, fuera la encargada de contribuir en las tareas de identificación de niños cuyos antecedentes permitan suponer la posibilidad de tratarse de niños desaparecidos por secuestro o nacidos en cautiverio;

Que es propósito de esta Secretaría contribuir activamente en la compleja tarea de identificación, a través de la práctica de estudios genéticos e inmunológicos con las más modernas técnicas en la materia, que lleven a permitir la comprobación de la identidad de los referidos menores;

Por ello

EL SECRETARIO DE SALUD PUBLICA Y MEDIO AMBIENTE

RESUELVE:

Art. 1°.- Créase en el ámbito de la Secretaría de Salud Pública y Medio Ambiente, la Comisión de Expertos, que tendrá a su cargo, sobre bases científicas, la tarea de identificación de niños cuyos antecedentes permitan suponer la posibilidad de tratarse de desaparecidos por secuestros o nacidos en cautiverio.

Art. 2°.- La comisión creada por el artículo 1°, estará integrada por los siguientes profesionales:

AGEITOS, María Luisa (Dirección Organización y Coordinación de Servicios).

///

3 de julio de 1984. Resolución de la Secretaría de Salud Pública y Medio Ambiente de la Municipalidad de la Ciudad de Buenos Aires por la cual se crea una comisión de expertos para trabajar en la identificación de los chicos desaparecidos.

///

DI LONARDO, Ana M. (Hospital "Carlos G. Durand")
 ZELAZKO, Marta (Hospital "Carlos G. Durand")
 FELDMAN, Guillermina (Hospital "Ricardo Gutiérrez")
 YAMAMOTO, Ana María (Hospital "Carlos G. Durand")

- Art. 3º.- En carácter de coordinadora de la referida Comisión, actuará la Dra. María Luisa AGEITOS, Directora de Organización y Coordinación de Servicios.
- Art. 4º.- En calidad de consultor actuará el Asesor Temporario de la Organización Mundial de la Salud-Oficina Sanitaria Panamericana, Dr. Víctor PENCHASZADEH.
- Art. 5º.- La citada Comisión efectuará a los niños derivados de la Comisión Nacional de Personas Desaparecidas, los exámenes y estudios de laboratorio necesarios que permitan establecer sus antecedentes genéticos, a través de los organismos que propongan a la Secretaría de Salud Pública y Medio Ambiente, evaluando asimismo los resultados obtenidos.
- Art. 6º.- Los datos obtenidos serán producidos por duplicado, remitiendo un juego de los mismos a la Comisión Nacional de Desaparecidos.
- Art. 7º.- Regístrese, publíquese en el Boletín Municipal y para su conocimiento y demás efectos, remítase a la Dirección General de Atención Médica.



Dr. TEODORO F. PUGA
 SECRETARIO DE SALUD PUBLICA Y MEDIO AMBIENTE
 MUNICIPALIDAD DE LA CIUDAD DE BUENOS AIRES

RESOLUCION N° 143/84



ANA MARIA M. de ROCANDELLO
 Directora General Técnico Administrativa
 Secretaría de Salud Pública y Medio Ambiente

6. El primer equipo de filiación

La comitiva de la AAAS llegada al país en junio de 1984 realizó una presentación en la ciudad de La Plata ante la CONADEP y los organismos de derechos humanos. Además de Cristián Orrego y Mary-Claire King, integraban la delegación tres científicos forenses: Clyde Collins Show, Lowell Levine y Luke George Tedeschi¹.

La conferencia arrancó mal. La traductora elegida para la ocasión desconocía buena parte de la terminología técnica que allí se usaba y entró en pánico. Por suerte se trataba de una presentación abierta al público y un joven estudiante de medicina se ofreció como traductor, así el encuentro pudo seguir. “Todo lo que los científicos explicaban, el chico traducía”, recuerda Rosa Roisinblit².

Morris Tidball Binz –así se llamaba el muchacho–, conoció ese día a las Abuelas. Semanas más tarde recibió un llamado de ellas. Le dijeron que se diera una vuelta por el departamento de la calle Montevideo. “Pensaba que me propondrían un voluntariado o algo así. Iba a aceptar –cuenta Morris–, pero me ofrecieron trabajo remunerado, algo impensable en aquel momento. Y me metí a fondo en la institución”³.

Además de ser estudiante avanzado de medicina, Morris hacía investigación y también militaba en derechos humanos. De inmediato se integró al primer equipo de genética, encabezado por el médico Jorge Berra. Al mismo tiempo, siguió haciendo de traductor de Clyde Snow y conociendo todos los secretos de la antropología forense.

“Me contrataron básicamente por mis conocimientos de inglés. Era

una especie de 'che pibe': atender el teléfono, comprar helados y charlar con las Abuelas", afirma Morris, quien junto a Diana Grinspon, la otra integrante del área, empezaron a armar los árboles genealógicos de los chicos desaparecidos para establecer quiénes eran los más indicados, dentro de cada familia, para ser sometidos a los estudios de filiación⁴.

El equipo de genética también se puso en contacto con el secretario de Salud de la Municipalidad de Buenos Aires, Teodoro Puga, a quien se le pidió que formara una comisión de expertos para ayudar a identificar a los chicos y operativizar el tema del laboratorio que haría los análisis. Como explica Jorge Berra:

El Estado había cometido todo el horror de la desaparición de los chicos y entonces lo justo era que también asumiera la responsabilidad de arbitrar todos los medios para solucionar sus secuelas. Además, nos dábamos cuenta de que realizándolas los organismos estatales se dejaba de lado toda esa especulación económica que siempre realizan los intereses privados. Por ese motivo fue que nos relacionamos con el Servicio de Inmunología del Hospital Durand. Ese fue un servicio creado por el intendente Cacciatore, casi como un regalo para su médico personal, con quien jugaba al golf, al cual le interesaba mucho realizar transplantes renales... Se trató de una inversión de muchos millones de dólares. Son las paradojas de la vida: el laboratorio montado por los personajes de la dictadura nos iba a ayudar a recuperar a los chiquitos que ellos habían ayudado a secuestrar...⁵

A pedido de Berra y su equipo, la Secretaría de Salud porteña convocó a una consultoría de la Organización Panamericana de la Salud (OPS). Víctor Penchaszadeh fue quien encabezó la comisión de la OPS, para lo cual estuvo en la Argentina entre el 29 de junio y el 14 de julio de 1984. Penchaszadeh repasa cómo surgió la consultoría:

Cuando Mary-Claire King volvió a los Estados Unidos, luego del caso de Paula Logares, conversamos en varias oportunidades y acordamos la necesidad de impulsar la iniciativa de crear un banco con muestras de sangre

de todas aquellas personas que supieran o presumieran que podían tener nietos desaparecidos. De esta manera sus datos genéticos iban a poder contrastarse con los datos genéticos de los niños que se fueran localizando. Por entonces el gobierno de Alfonsín le dio la función de ocuparse de esto a la Municipalidad de Buenos Aires, que disponía de laboratorios que podían cumplir esa función. Entonces desde la Secretaría de Salud municipal se generó la asesoría de la OPS, que me designa consultor para venir al país y estudiar de qué manera se podía organizar el tema. Esto fue en junio del 84, vine, se constituyó una comisión, que hizo un informe y una serie de recomendaciones.⁶

A pesar de estos avances, el grado de apoyo por parte del Gobierno no estaba demasiado claro. Los funcionarios decían que los estudios se iban a realizar, pero aún no liberaban recursos para adquirir los reactivos indispensables para llevarlos a cabo. El equipo de genética de Abuelas también se puso en campaña para solucionar este tema y conseguir los insumos.

Simultáneamente, con los primeros árboles genealógicos armados, se inició la recolección de muestras de sangre de abuelos y familiares de chicos desaparecidos. Pero cada una de instancias fue produciendo un volumen de información muy grande, y por lo tanto apareció la necesidad de sistematizarla. Para esto último resultaba indispensable un soporte informático y de “minería de datos”. Abel Madariaga, padre de un chico desaparecido y coordinador de los equipos técnicos de Abuelas, había comenzado la tarea de cargar todas las denuncias en una base digital.

Madariaga había vuelto al país en 1983. Pero su situación no era fácil. Cuando los directivos de Aerolíneas Argentinas, la empresa en la que trabajaba, se enteraron de su pasado montonero y de que buscaba un hijo nacido en cautiverio, lo despidieron. Sin trabajo, se vio obligado a partir de nuevo hacia México, a donde ya había estado exiliado durante la dictadura⁷.

Pero antes quería delegar el tema de la base de datos a alguien de confianza, capaz de manejar con buen criterio la información extremadamente sensible que se iba acumulando. Madariaga consultó a Graciela Fernández Meijide, integrante de la Asamblea Permanente por los Dere-

chos Humanos (APDH), ya que este organismo tenía cierta experiencia en el tema, y ésta le recomendó al joven Daniel Bustamante, quien hasta hacía poco había sido colaborador de la APDH. El propio Bustamante recuerda cómo entró a Abuelas:

Las Abuelas habían recibido una computadora XT, fue el primer organismo que tuvo una PC, y Abel estaba estructurando la base de denuncias, ya había hecho un bosquejo y había iniciado la carga de datos. Al mes o a los dos meses, Abel se fue a México y yo quedé en la parte de computación. Por esa época también ingresó en la institución Rafael Macela, que era analista de sistemas, para asesorar en el tema programación. Las computadoras eran muy chicas y el volumen de datos muy importante. Había que hacer codificaciones, estructurar bien las bases, y ahí armamos una especie de equipo con Rafael.⁸

El equipo de informática de Abuelas trabajaría en conjunto con el de genética y el resto de las áreas de la institución. Entre las primeras bases que hicieron había una para almacenar las denuncias que llegaban y otra para las partidas de nacimiento. Las búsquedas o indexaciones en las computadoras eran kilométricas, se podía perder hasta media mañana para encontrar un dato. La otra base que armaron tenía relación directa con el área genética. Bustamante explica en qué consistía:

Era una base de datos para ir registrando y tratar de reconstruir los árboles genealógicos de los grupos familiares. La que llevaba ese trabajo era Diana Grinson, que acompañaba a los familiares a la toma de muestras en el Hospital Durand. En ese acompañamiento ella iba tratando de reconstruir los árboles genealógicos de cada una de las familias, o sea primos, hermanos, porque en aquel momento los análisis eran por HLA. A veces se necesitaban muchísimos parientes para poder llegar a una inclusión dentro de un grupo familiar, a veces se necesitaba reconstruir prácticamente todo el árbol genealógico para ver qué cantidad de familiares iban a ser necesarios para llegar a decir “tenemos el patrón genético” o

“tenemos un patrón factible de ser analizado con el del chico que se piensa mandar al Durand”. Cuando Diana Grinspon volvía con información, cargábamos todo en la computadora, en unos programitas muy básicos, porque la computación no daba para mucho en aquel entonces, eran unas bases de datos en un programa que se llama PC File. Los campos tenían cierta cantidad de caracteres, eran bastante limitados, había que codificar mucho, generar una tabla de códigos para los parentescos, evitar que las escrituras se ingresaran mal, mantener las direcciones actualizadas de los familiares, los teléfonos, los resultados de las muestras. La idea era producir una base de cada chico desaparecido: de qué cantidad de familiares disponía, cuántos se habían analizado, quiénes faltaba analizar.⁹

La otra “pata” del trabajo articulado entre genética y computación la llevaba Morris Tidball Binz, que hacía las veces de nexo con los familiares y trataba de convencerlos para que se sacaran sangre. En sus visitas a las familias, en Buenos Aires y en el interior, Morris también efectuaba extracciones y trataba de informar sobre el trabajo que se estaba realizando.

“Cierta vez, de vuelta de Mar del Plata, en un pequeño avión de cabotaje –recuerda Morris–, traía una heladerita con varias muestras de sangre. En eso el avión se empezó mover, parecía que se iba a caer, y muchas muestras se cayeron y la sangre empezó a correr por el piso. Algunos pasajeros se espantaron. Uno, que se había puesto pálido, me preguntó ‘¿Qué es eso?’... ‘Sangre’, le dije”¹⁰.

Pero más allá de situaciones como ésta, la clave del trabajo estaba en el trato humano con los familiares para que aportaran sus muestras. Para Bustamante, que vivió de cerca todo este proceso, el gran mérito estuvo en la calidad y la calidez de la gente que transitó por el equipo de genética:

Cada grupo familiar es un mundo, cada historia tiene su particularidad, tiene sus conflictos interfamiliares a su vez. Normalmente donde menos problemas había era en el grupo familiar del denunciante, por ahí si el denunciante era la parte paterna, la parte materna que por ahí no tenía tanto contacto era con la que más costaba... pero con la abuela que tenía

presencia dentro de la institución, porque uno está hablando ahora de Abuelas y hay muy pocas abuelas que por ahí van los martes [N. de la R.: martes es el día de reunión de Comisión Directiva en Abuelas], pero entonces los martes se llenaba, tenías que encerrarte en tu cubículo porque había Abuelas por todos lados, y por ahí era más sencillo, era distinto. Pero el gran mérito, lo mejor de la relación de Abuelas y la genética, fue la calidad humana de las personas que pasaron por el equipo, nunca decayó, nunca para atrás.¹¹

Tanto Morris como Grinspon, cuando se juntaban con las familias, trataban de hacerse un mapeo preciso de todos los vínculos, y así disponer de más elementos para, eventualmente, probar la identidad de los chicos desaparecidos. Pero la falta de una ley que dispusiera la creación del Banco Nacional de Datos Genéticos representaba un obstáculo. Por ejemplo, no existía un control firme ni ningún protocolo seguro que garantizara que los chicos que se analizaban eran los chicos que debían analizarse.

Las Abuelas tenían miedo de que los apropiadores llevaran a analizar a otros chicos. Si esto ocurría, los resultados de los análisis necesariamente indicarían que los chicos en cuestión no eran quienes ellas buscaban. Para evitar esto, trataron de constatar con sus propios ojos las pericias. Una abuela, inclusive, llegó a disfrazarse de enfermera para entrar al hospital y comprobar que se le realizara el estudio a la chica que se le tenía que hacer¹².

“Por eso fuimos haciendo consultas a todos los expertos habidos y por haber, el juez Eugenio Zaffaroni estuvo en eso y muchos más, esbozando una ley que contuviera nuestras necesidades y apuntado a que fuera un banco para encontrar los niños desaparecidos pero que también tuviera el propósito más amplio de resolver otros casos de filiación”, explica Estela Carlotto¹³. Las Abuelas tendrían que batallar un tiempo más para lograr la creación del banco.



Morris Tidball Binz, coordinador forense del Comité Internacional de la Cruz Roja (arriba).
Daniel Bustamante, miembro de Abuelas de Plaza de Mayo y del Equipo Argentino de Antropología Forense (abajo).



7. El papel de la ciencia forense

En junio de 1984, al finalizar la conferencia que dieron los científicos de la AAAS en La Plata, un abuelo sentado al fondo del auditorio fue uno de los primeros en preguntar. “Dígame doctor Snow, ¿sería posible, cabría esperar que los huesos de un feto se desintegraran en una tumba?”¹. Morris Tidball Binz le tradujo la pregunta a Clyde Snow, científico forense de Oklahoma que había participado en las tareas que condujeron a la identificación de los restos del criminal nazi Joseph Mengele en Paraguay y que había hecho los estudios antropológicos en el caso del asesinato de John Fitzgerald Kennedy. Snow recuerda la situación:

Le contesté que no, que los huesos fetales pueden durar siglos. No me podía imaginar hacia adónde apuntaba esa pregunta. Pero después, en una pausa, me lo explicaron. Hablaron del caso Lanuscou. Se habían exhumado los restos óseos de la familia, pero entre ellos no estaban los de la hija menor, Matilde, de seis meses. Les dijeron que sus huesos se habían desintegrado. Tomé el caso y examiné todos los huesos; encontramos los de los dos hijos mayores, los de la madre y los del padre, pero ni uno solo de la niña. Tomamos una muestra de la arena y de la grava que se habían recogido en el mismo momento de la exhumación de los cuerpos y la tamizamos; conseguimos unos cedazos y la lavamos. Tardamos horas y horas. Examinamos hasta la última partícula de grava y no encontramos absolutamente ninguna prueba de que allí hubiese habido una niña.²

El 4 de septiembre de 1976 fuerzas conjuntas habían atacado con explosivos la casa de la familia Lanuscou. El informe oficial decía que en el domicilio se estaba llevando a cabo una reunión de delincuentes subversivos. Hubo un principio de incendio y se llamó a los bomberos. El informe agregaba que, concluido el operativo, se había comprobado que en el interior del edificio había “cinco delincuentes muertos”. Los pasos siguientes fueron labrar cinco actas de defunción NN e inhumar los cuerpos en el cementerio de Boulogne, provincia de Buenos Aires.

Las primeras denuncias del caso llegaron a Abuelas a través del abuelo paterno de los pequeños –que fue quien hizo la pregunta a Snow– y así comenzó la búsqueda. Después de muchas averiguaciones, que apuntaban a los cuerpos enterrados en Boulogne, las Abuelas se presentaron ante el Juzgado de Menores N° 2 de San Isidro, a cargo del magistrado Juan Carlos Fugaretta, pero el caso no fue investigado³.

Finalmente el 25 de enero de 1984 se realizó la exhumación. Se identificaron los cuerpos de Amelia, Roberto y sus dos hijos mayores, Bárbara y Roberto, de cuatro y cinco años respectivamente, todos enterrados sin nombre. En la tumba que correspondía a la pequeña Matilde sólo se encontraba el ataúd con sus ropitas, una manta, un osito y un chupete. Clyde Snow fue el encargado de confirmar que no había restos de la niña:

Encontramos unas ropas de niña, de entre tres meses y un año. Han estado enterradas durante muchos años. El pie derecho del osito presenta un área quemada. Acompañan a esas prendas siete huesos de adultos, pero no existen evidencias de restos humanos infantiles. Nunca esas ropas envolvieron un cadáver. Matilde nunca estuvo en ese ataúd. Es así de simple.⁴

Para aventar toda duda, Snow volvió días después al cementerio. Allí recogió el osito, el chupete, las medias y la frazada de Matilde y se trasladó al Hospital de San Isidro. Exploró a fondo todos los objetos y obtuvo hasta el mínimo resto de tierra que tenían. Después los lavó y los coló. Detectó que era un tipo de tierra que ayudaba a que los huesos se conser-

varan más, y ni aún así quedaban rastros de la nena, ni una mancha, ni un diente⁵.

Luego de este trabajo, que le llevó más de un día, Snow no tuvo más dudas. Matilde estaba viva. Y sus familiares, que ya habían recibido un mensaje anónimo que decía que uno de los tres chicos estaba vivo, tampoco. Desde ese momento, la abuela de los pequeños, Amelia Herrera de Miranda, se incorporó al trabajo de Abuelas desde Córdoba.

La historia de los Miranda-Lanuscou es parecida a la de Jorgelina “Coqui” Suárez de Pereyra, madre de Liliana, una joven desaparecida que estaba en su quinto mes de embarazo en el momento de su secuestro. El informe policial decía que la muchacha había muerto en un tiroteo en julio de 1978 y que había sido enterrada en un cementerio privado.

Tras la caída de la dictadura, Coqui Pereyra se puso a examinar en los registros del cementerio las características físicas de los NN enterrados en aquella fecha. Fue entonces que se enteró de la visita de los antropólogos forenses y solicitó la ayuda de Clyde Snow para identificar los restos de su hija. La presunta tumba de Liliana fue abierta y se analizó el esqueleto.

Los registros *pre mortem* confirmaban que la tumba era de Liliana. Pero en contra de las afirmaciones de la policía, los estudios *post mortem* revelaron que la joven había muerto a causa de una herida a quemarropa en la cabeza. Su muerte, dijo Snow, tenía “todas las señales de una ejecución”⁶. También se estableció, mediante un estudio de los huesos pélvicos, que había dado a luz en término o cerca de él, lo que daba crédito a testimonios de sobrevivientes que compartieron su cautiverio en la Escuela Superior de Mecánica de la Armada (ESMA).

Este fue un gran avance para las Abuelas. Ahora era posible, en caso de encontrarse restos de las mujeres embarazadas, obtener pruebas científicas con respecto al nacimiento de sus nietos y continuar la búsqueda con la certeza de que sus hijas habían dado a luz en cautiverio.

Clyde Snow presentó así el caso de Liliana Pereyra en el juicio a las juntas en 1985: “Todo esto parece lúgubre, pero aquí, al menos, buscamos muerte y encontramos vida. Pudimos decirle a su madre que aun-

que su hija esté muerta, en alguna parte está su nieto. Eso allana el camino para que las Abuelas de Plaza de Mayo empiecen a buscar y posiblemente a localizar al niño”⁷.

Lo cierto es que Snow se quedó tres años en la Argentina, yendo y viniendo de los Estados Unidos. Pero no hablaba una palabra de español, así que a su lado siempre estuvo Morris Tidball Binz. “Morris se entusiasmó tanto que dijo: ‘Yo también me voy a dedicar a esto’ –cuenta Rosa Roisinblit–. Entonces fue aprendiendo de Clyde Snow y fue juntando muchachos y chicas y juntos formaron el Equipo de Antropología Forense. ¡Pero nació acá!”⁸.

“El equipo es como un hijo de Abuelas, porque nació cuando ellos ofrecieron la identificación de restos, y Clyde Snow tuvo la fabulosa idea de formar un equipo con gente joven, y ahí nos encontramos con Morris, que quedó enganchado para toda la cosecha”, cuenta Estela Carlotto⁹.

En 1986, el grupo de estudiantes de medicina, arqueología y antropología entrenado por Clyde Snow, formalizó lo que hoy es el Equipo Argentino de Antropología Forense (EAAF). Luis Fondebrider, otro de los miembros fundadores, explica que la tarea específica del EAAF “es la investigación de casos de violencia política, o violencia étnica fuera de la Argentina, la exhumación de los cuerpos con metodología de la arqueología, y el análisis de los cuerpos para identificarlos y saber cómo murieron”¹⁰.

En la actualidad el EAAF desarrolla esta tarea en el país y en otras partes del mundo y cuenta con oficinas en Buenos Aires, Córdoba y Nueva York. Desde sus inicios trabaja en la investigación de los casos hasta que se llega a la posibilidad de trabajar en un cementerio específico, hacer un análisis de la fosa, y la exhumación y el análisis de los cuerpos. Esto fue lo que se hizo en los casos de los Miranda-Lanuscou y de Liliana Pereyra, y también en el caso de Laura, la hija de Estela Carlotto:

En el año 85 exhuman el cuerpo de Laura, mi hija, porque yo le pedí a la Justicia exhumarla. A mí me entregaron el cuerpo de Laura el día que la mataron, yo la enterré con una historia falsa que me contaron los militares asesinos. Y yo me dije que cuando pudiera iba a demostrar que era

mentira. Lo pude demostrar en 1985, cuando le pedí permiso al juez para exhumarla científicamente, con Clyde Snow, Morris y todos los chicos de lo que iba a ser el EAAF. La exhumación se hizo en el cementerio y ante mi presencia. Fue como un acto sagrado, lo hicieron con una delicadeza notable. Y Clyde Snow, teniendo en la mano unos huesitos de Laura, me llamó aparte y me dijo: “Estela, tú eres abuela”. Para mí eso fue muy conmovedor y aparte me dio todos los elementos para presentar en la Justicia, cosa que de hecho hice.¹¹

“Hay algunos casos en los que se pueden ver marcas en los restos, como el caso de la hija de Estela Carlotto –explica Fondebrider–, quedan marcas en la zona de la pelvis que permiten conjeturar que la mujer pudo estar embarazada”¹². Además de estos casos, el EAAF también logró identificar a una madre que fue asesinada cuando estaba embarazada de nueve meses y encontraron el feto, además de colaborar con las Abuelas en todo lo referente al intercambio de información e incluso en la investigación que condujo a la recuperación del nieto Manuel Gonçalves en 1997.

Al igual que el equipo de genética de Abuelas, el EAAF fue trabajando cada investigación junto con las familias de los desaparecidos, construyendo un vínculo con los familiares a lo largo de los años, conociendo sus historias, hasta que en un momento tienen la presunción de que en un determinado cementerio está la fosa con los restos buscados, y ahí comienza la parte más técnica que es la exhumación y el análisis de los restos.

“Cuando tenemos esa certeza –señala Fondebrider– se le ofrece a la familia estar presente durante la exhumación”¹³. La exhumación de una sepultura individual puede tomar cuatro o cinco horas de trabajo. Luego viene el análisis que en general puede tomar una semana. Con la información que recuperan del análisis del esqueleto –que tiene muchos menos elementos que un cadáver fresco–, y la información surgida de la investigación previa, también llamada *ante mortem*, el EAAF trata de determinar la identidad de los desaparecidos.

“Comparamos datos antropológicos, odontológicos, médicos, y en los casos que la información no es suficiente se recurre a la genética”, expli-

ca Fondebrider¹⁴. El estudio de ADN lleva más tiempo, porque entra jugar la posibilidad de recuperar material genético, cuán ocupado está el laboratorio, cuánto dinero haya para reactivos. Por último se llega a la instancia judicial. Lo que hace el EAAF es brindar una opinión técnica al juez, y éste es el que decide si acepta o no la identificación. Todo ese proceso puede tomar varios meses.

Con el tiempo el EAAF fue creciendo y extendiendo sus actividades hacia más de 30 países (Bosnia, Timor Oriental, Filipinas, entre otros). Fondebrider detalla la experiencia internacional que fueron acumulando en estos 22 años de trabajo:

Decidimos empezar a trabajar en otros países porque venían familiares y nos pedían. Argentina fue un país que recibió mucha solidaridad durante la dictadura, mucha gente buscó refugio en otros países, y nos parecía que era una cuestión básica devolver de alguna manera eso a la gente que había ayudado tanto. Y bueno, si podíamos hacerlo, nos pareció lo correcto ayudar a otros familiares de otras partes del mundo que lo podían necesitar, en regiones mucho más difíciles que la Argentina por la falta de recursos y violencia. Haber trabajado ya en tantos países nos da una perspectiva comparativa bastante amplia, tomando en cuenta que lo que pasó acá no pasó solamente acá, pasó en otros lugares, con otras características, y esta perspectiva también enriquece el análisis de lo que pasó acá. Si bien cada país es diferente, la actitud de las víctimas y sus comunidades es bastante semejante: todos quieren saber la verdad, todos quieren justicia.¹⁵

Según Fondebrider, lo más interesante a partir de la creación del EAAF fue la posibilidad de romper “esa separación entre ciencia y sociedad, ciencia y derechos humanos, tratando de integrar las dos partes, haciendo a los familiares el centro de la tarea, teniendo muy en claro que ellos son los protagonistas, no los científicos”¹⁶.

La idea de los miembros del EAAF también consistió en romper esa relación poco transparente que normalmente se da entre los familiares y el poder judicial, en la cual los familiares dan una información y al final

reciben un resultado, pero no saben qué pasa en el medio. “Queremos mostrar que es posible hacer ciencia con la gente al mismo tiempo”, resume Fondebrider¹⁷.

Morris, quien entre 1984 y 1989 repartió su tiempo entre Abuelas y el EAAF, sostiene que el Equipo le debe su nacimiento a las Abuelas:

“Hay que destacar la inteligencia y la visión de las Abuelas, y sobre todo el apoyo que dieron cuando buena parte de las Madres de Plaza Mayo se opusieron a las exhumaciones de restos. De hecho las Abuelas gestionaron ante HEKS [Organización de ayuda de las iglesias protestantes suizas], el primer dinero para el EAAF”¹⁸.

En 1989 Morris dejó Abuelas para dedicarse tiempo completo al EAAF y actualmente se desempeña como coordinador forense del Comité Internacional de la Cruz Roja. Allí, como hace 20 años en la Argentina, también se ocupa de la aplicación de la ciencia forense para la búsqueda de paradero de personas desaparecidas, y cada vez que visita el país pasa a conversar con las Abuelas. Morris no tiene más que palabras de agradecimiento y admiración para estas mujeres:

Fue una etapa muy linda y extraordinaria en cuanto a las ideas que se generaron y las propuestas que se llevaron adelante, usando la ciencia forense para el fin específico de investigar la identidad de los niños y los crímenes cometidos por el terrorismo de Estado. Abuelas es el origen del desarrollo de las ciencias forenses aplicadas a los derechos humanos. Porque había teoría, pero nunca se hubiese organizado si no fuera por las Abuelas.¹⁹

8. Creación del Banco Nacional de Datos Genéticos

El 20 de febrero de 1986, el mismo año en que se formalizó el EAAF, el presidente Alfonsín recibió a las Abuelas. Participaron de la reunión Estela Carlotto, Rosa Roisinblit y Estela Mariani, además del entonces subsecretario de Derechos Humanos Eduardo Rabossi. Las Abuelas le entregaron un escrito al Presidente que comenzaba así:

Planteamos al Señor Presidente de la Nación la situación de centenares de criaturas privadas de todos sus derechos por un Estado de Facto, y que continúan en las mismas condiciones sin que el Estado de Derecho los haya liberado de su esclavitud. Las acciones tendientes a reestablecer los derechos de estos niños [...] resultan insuficientes a la luz de la experiencia. [...] El Presidente conoce nuestra lucha desarrollada durante los últimos nueve años para localizar a nuestros nietos, lo que se ha conseguido en 38 casos. Pero una vez encontrados, casi siempre transcurren años en indecisiones judiciales, trabas, incompetencias y lentos trámites. Sabemos que no es rápido el accionar de la Justicia, pero aquí se trata de la vida de niños que fueron atrozmente privados de sus derechos; y el transcurrir del tiempo en una criatura esclavizada, no debe tener el mismo ritmo que el de un expediente común.¹

“¿Cómo que no hemos hecho nada? Hemos creado la CONADEP, hemos juzgado y encarcelado a las juntas militares”, replicó Alfonsín. “Es

cierto –le dijeron las Abuelas–, ¿pero hay algún chico que haya sido encontrado por el trabajo del Gobierno o con la ayuda concreta del Gobierno?”². El primer mandatario se quedó en silencio y escuchó a las Abuelas, que le formularon cuatro pedidos, uno de ellos directamente relacionado con la genética: que presentara al Parlamento un proyecto de ley por el cual se diera validez legal a los análisis genéticos que se realizaban en el Hospital Durand y se estableciera la creación del Banco Nacional de Datos Genéticos (BNDG). La acumulación de pruebas sobre los niños y la eficacia del análisis eran un poderoso argumento, y Alfonsín aprobó lo solicitado³.

Las Abuelas, junto con una serie de organismos gubernamentales y el Servicio de Inmunología del Hospital Durand, redactaron el proyecto que fue unánimemente convertido en ley por el Congreso en mayo de 1987. Por esta ley, la 23.511, se creaba un banco de datos para resolver cualquier tipo de conflicto que implicara cuestiones de filiación, incluidos los casos de los niños desaparecidos.

El texto de la ley especificaba que los servicios del banco serían gratuitos para los familiares de los desaparecidos. En otro orden, disponía que todos los tribunales de la nación realizaran el estudio de marcadores genéticos en cualquier niño con filiación dudosa y establecía los procedimientos que debían seguir los familiares que vivieran en el extranjero y quisieran hacer uso del banco. También determinaba que la negativa a someterse a la prueba se consideraría como una señal de complicidad en los secuestros. Y dada la expectativa promedio de vida en el país, se calculó que el banco podría ser utilizado por los menores secuestrados por lo menos hasta el año 2050, es decir que hasta entonces deberían conservarse las muestras de sus familiares⁴.

Ana María Di Lonardo, jefa de Inmunología del Durand desde el 1º de octubre de 1980, fecha en que se creó el servicio, pasó a ser también directora del BNDG, puesto que ocupó hasta marzo de 2006. Los estudios sobre desaparecidos recayeron en el Durand porque contaba con la infraestructura y el personal necesarios. “Lo mismo que hacíamos para inmunología lo hicimos después para el Banco –explica Di Lonardo–.

Todo el Poder Judicial aprovechó después nuestros estudios periciales. No había ningún otro lugar del Estado donde hacerlo”⁵.

Las normas que crearon el BNDG disponían que la Ciudad de Buenos Aires pagara el equipamiento y el personal científicos, en tanto el Ministerio de Acción Social de la Nación tendría a su cargo la provisión de los reactivos químicos y otras sustancias necesarias para los análisis. Sin embargo, la realidad no sería tan sencilla. Tanto la Municipalidad como el Ministerio incumplieron repetidas veces lo convenido.

Mantener y actualizar el Banco se convirtió en una de las principales preocupaciones de las Abuelas. En septiembre de 1988 éstas se reunieron con funcionarios del Gobierno para urgirlos a promulgar las leyes en respaldo del Banco. Debido a la falta de recursos para hacer los estudios, el trabajo prácticamente se había interrumpido⁶.

En noviembre las Abuelas acudieron a una nueva audiencia con el presidente Alfonsín. Le solicitaron que garantizara la asistencia económica indispensable para el funcionamiento del Banco y también le pidieron que designara un fiscal especial para seguir los casos de los chicos desaparecidos, a fin de apurar las investigaciones. Tras escucharlas, Alfonsín nombró una comisión para acelerar tanto a las investigaciones de estos casos como la iniciación de los procedimientos legales necesarios para resolverlos⁷.

Con la sanción de la ley en 1987 y su reglamentación en 1989, las Abuelas tuvieron la tranquilidad de que los jueces no tenían más que aceptar que había una ley, que el Banco era serio y que los análisis eran fiables. El BNDG fue creciendo en muestras de sangre de los familiares a partir de todo el trabajo institucional de las Abuelas, quienes, por otra parte, gestionaron la donación de reactivos y equipamiento del exterior dadas las dificultades económicas que atravesaba la Argentina.

En 1985 ya habían logrado que Danielle Miterrand, esposa del fallecido presidente francés François Mitterrand, les donara la primera computadora para el BNDG, un freezer a menos 80 grados, conservadores de nitrógeno líquido, reactivos, entre otros elementos. Cuando la computadora quedó obsoleta, volvió a donar otra, en 1988⁷.

Por entonces el médico Jorge Berra, coordinador del equipo de genética de Abuelas, elaboró un detallado informe sobre el Banco y la identificación de los chicos desaparecidos [ver Apéndice 2]. Tanto él –que hacía de vínculo con Di Lonardo– como las Abuelas, eran concientes de que además del compromiso del Gobierno y la participación activa de los familiares, necesitarían del apoyo de la comunidad científica internacional. El informe elaborado por Berra, que resumía un poco toda la cuestión, tenía ese objetivo.

Pero también hubo problemas. A poco de establecerse el Banco se produjo un sonado caso en el cual se le asignó erróneamente la identidad a una niña. Estela Carlotto recuerda bien el caso. En 1978, poco después de recibir el cuerpo de su hija Laura, un familiar suyo que tenía amistad con una enfermera de la Casa Cuna de Buenos Aires le comentó que una beba recién nacida había sido “abandonada en un ascensor”. De allí la llevaron a la Casa Cuna, donde estuvo un día solamente, y un juez la entregó en adopción a un matrimonio que no tenía hijos. Ella misma relata el episodio:

Este familiar me avisa esto y yo me voy volando a la Casa Cuna, porque era coincidente la fecha con la fecha de mi nieto. Yo en ese entonces no sabía si era varón o mujer. Me presenté en la mesa de entradas, dije que era una abuela, que quería hablar con el director, no le dije que era Abuela de Plaza de Mayo. El director me recibió muy cordial, le dije que era una abuela y que quería saber si la niña que ingresó en tal fecha podía ser mi nieta. “Sí señora, podemos averiguar”, me dijo. “Porque yo soy una abuela que busca mi nietito desaparecido”, le dije después, y cuando le dije esto el hombre cambió de cara, de color, de posición y de actitud. “Si la niña salió, yo a usted no le puedo contar nada”, me dijo, y me cerró la puerta en la cara. Entonces volví a la mesa de entradas, donde tenían los legajos de los chicos, y le dije a la empleada que era una abuela, a ver qué podía decirme de la niña que entró tal día y que egresó a los dos días para ser dada en adopción. Tampoco le dije que era Abuela de Plaza de Mayo. “Sí, acá están anotados, a ver, espere un momentito”, y salió. No sé si fue

a hablar con el director o qué, entonces yo, como buena maestra, leí el libro al revés y pude ver las fechas, el nombre, y el juez: Wagner Gustavo Mitchell. Cuando volvió la mujer me dijo: “No señora, lo lamento pero no le puedo dar información porque es reservada”.⁹

Estela Carlotto le agradeció a la mujer y se fue a Tribunales a ver al juez Mitchell. La recibieron los custodios y ella pidió hablar con el magistrado. Le preguntaron por qué tema era. Ella respondió que era una abuela que buscaba a su nieto desaparecido y tenía información de que él había dado en adopción a una niña. La hicieron esperar un rato y volvieron con un mensaje: “Dice el doctor Mitchell que no la puede recibir, pero le manda decir que se cuide, porque puede aparecer en una zanja”¹⁰. Carlotto salió del juzgado temblando. Dos años más tarde se enteraría que su nieto es un varón, o sea que la niña dada en adopción por Mitchell no podía ser su nieta.

Pero en 1985 volvió a cruzarse con la historia de la niña. Llegó a la sede de Abuelas una mujer diciendo que tenía una niña adoptada, llamada Juliana, que le había sido entregada por su primo, el juez Mitchell, luego de ser abandonada en la Casa Cuna.

La buena voluntad de Carmen Rivarola y de su esposo, José Treviño, que sabían que su hija adoptiva podía ser una de las nietas que buscaban las Abuelas, aceleró las cosas. “Vinieron a preguntar si queríamos investigar si esa niña que ellos querían tanto era una de las nietas que estábamos buscando –recuerda Carlotto–. Fueron los únicos que vinieron a hacer un pedido así”¹¹.

A partir de entonces las Abuelas empezaron a hacer las gestiones para analizar a la criatura. Pero allí comenzaron los problemas. En junio de 1988, el juez federal de Morón a cargo del caso, Juan María Ramos Padilla, le pidió a la jefa del Banco, Ana María Di Lonardo, que le llevara rápidamente los resultados del caso de Juliana Inés Treviño porque si no iba a ordenar su detención.

Di Lonardo aceptó la solicitud y entregó los análisis. El examen de histocompatibilidad daba un 98,91 por ciento de probabilidad de que la niña

pertenecía al grupo familiar Sandoval-Fontana. El estudio había sido realizado en mayo y en él se había comparado la sangre de Juliana con la de seis miembros de la familia Sandoval-Fontana¹². Con este resultado el juez ordenó la restitución, que se hizo en horas de la noche, trasladando a la niña de una casa a otra y dejándola con los Fontana, que creían que era su nieta.

Los que estaban furiosos eran los Treviño, porque se había violado el derecho a esa intimidad que ellos habían querido resguardar desde que se acercaron a las Abuelas, y así comenzó una verdadera guerra por los medios. Los Treviño impugnaron los análisis argumentando, en base al expediente, que había una diferencia de tres meses entre la edad de Juliana y la fecha estimada del nacimiento en cautiverio de la nieta de los Sandoval-Fontana.

El juez Alejandro Sañudo, subrogante de Ramos Padilla, quien había renunciado el 31 de julio de 1988, ordenó hacer un nuevo análisis. La directora del BNDG volvió a confirmar la filiación de Juliana, ahora con una probabilidad del 99,91 por ciento. Sin embargo, a pesar de este nuevo análisis y de las recomendaciones en contrario de los psicólogos, Sañudo determinó que la niña debía que volver con los Treviño. La nueva restitución se realizó en horas de la madrugada, en un patrullero y con un gran despliegue mediático¹³.

Dos años más tarde, con una metodología más avanzada, se comprobaría que la niña no pertenecía al grupo Sandoval-Fontana, pero el daño ya estaba hecho. Los Treviño quisieron hacer juicio a las Abuelas y exigieron que les pidieran disculpas, pero el error no había sido de ellas. “El error fue de la Justicia y del Banco, ahí no teníamos nada que hacer. El Banco produce los exámenes, la Justicia la restitución”, sostiene Carlotto¹⁴.

La directora del Banco, Ana María Di Lonardo, se defendió diciendo que por el método de HLA era imposible excluir a la niña porque compartía las bases genéticas con las dos familias. “El señor juez consideró que era satisfactorio y dijo ‘es’. Evidentemente la niña compartía el árbol genético por azar, no por nexo biológico”, explica Di Lonardo, quien además, en su momento, arguyó que la fórmula aplicada, descubierta por

Mary-Claire King, era incorrecta¹⁵. Víctor Penchaszadeh tiene su propia opinión sobre el caso de Juliana Treviño:

No es que los análisis hayan sido mal hechos, sino que la comprobación estadística, la formulación estadística de probabilidad de inclusión se utilizó mal. Por otra parte los análisis de histocompatibilidad, en relación a los de ADN, tienen un componente subjetivo muy fuerte. La técnica incluye la observación al microscopio para determinar si hay o no aglutinación, que se manifiesta por un enturbiamiento y formación de grumos en la placa de análisis. Era bastante artesanal comparada con los análisis de ADN que aparecieron después. Además, se hicieron las cosas de forma apresurada e improvisada, el juez que estaba a cargo de ese caso buscaba notoriedad pública y los responsables del laboratorio no analizaron algunos integrantes claves de la familia Sandoval que de haber sido estudiados desde el comienzo se hubiera evitado el error. Cuando se produjo el caso de Julia Sandoval, que no era Julia Sandoval, fue un retroceso muy grave. Se trató de un caso público que duró todo el año. Pero si se leen los periódicos de la época, por sobre la incertidumbre genética hubo una operación ideológica por parte de la derecha, que abogaba por el *status quo*: “Lo que pasó, pasó, ahora los chicos están con quienes están, dejémoslos tranquilos”.¹⁶

Penchaszadeh intensificó su colaboración con las Abuelas participando de comunicados, conferencias de prensa y defendiendo los exámenes desde un punto de vista ético. Lo mismo hizo el equipo de psicología de la asociación, al tiempo que los medios difundían la idea de que con la restitución se le creaba un “segundo trauma” al niño. Pero en ese momento ya estaba apareciendo la tecnología para estudiar directamente el material genético, es decir el ADN, ya no a través de sus productos, y todo se hizo más sencillo. Pronto el BNDG también comenzaría a equiparse con esa tecnología y los análisis de ADN llegarían a ser prácticamente infalibles.

9. El ADN nuclear y mitocondrial

Durante un año entero la historia de Juliana fue la comidilla de los principales medios periodísticos. En *Tiempo Nuevo*, el programa de Bernardo Neustadt y Mariano Grondona, el notero del ciclo, un joven Daniel Hadad, había llegado a localizar a Juliana en casa de una amiga y hacerle una entrevista con preguntas inducidas, hecho que las Abuelas calificaron como “un acto criminal”¹.

Los apropiadores de niños y sus voceros aprovecharon el caso para frenar la búsqueda de justicia, a tal punto que en marzo de 1991 un juez respondió a las denuncias de un policía que había secuestrado a un niño nacido en cautiverio ordenando a la Policía Federal que allanara el Banco².

Mientras tanto, la directora del Banco, Ana María Di Lonardo, en ocasión de un viaje que realizó a Francia, efectuó nuevos estudios sobre las muestras de Juliana Treviño y su presunto grupo familiar. Estos análisis fueron directamente sobre el material genético y sus resultados contradijeron a los dos anteriores que habían sido por HLA³. Igual resultado alcanzó otro estudio independiente realizado en Nueva York⁴. Los Treviño recibieron la oferta de hacer un análisis más, controlado por la UBA, pero decidieron no tocar más el asunto⁵. Y la Justicia, por su parte, determinó que Juliana no era Juliana Sandoval. Quince años más tarde, en julio de 2006, las Abuelas restituirían la identidad de un joven llamado Adrián Alejandro que sí es hijo de Pedro y Liliana Sandoval.

La primera vez que se había podido aislar una secuencia genética, tal como se aislaron las secuencias de Juliana y de su supuesta familia bioló-

gica, fue en 1984. “Como suele ocurrir, el primer gen localizado lo fue a partir de una enfermedad –explica Víctor Penchaszadeh–. Las enfermedades hereditarias son las que han dado muchas de las pistas sobre el ADN. Ese año se localizó el gen de la enfermedad de Huntington”⁶. Así surgió la posibilidad de analizar el ADN de un individuo y llegar a decir “tiene o no tiene tal gen”, o “tiene la variante de cierta enfermedad”.

Un año más tarde, en 1985, Alec Jeffreys, de la Universidad de Leices-ter, formuló la técnica de la huella genética, basada en los microsatélites, secuencias cortas de ADN que no codifican para proteínas, están muy repetidas y muestran gran variación entre las personas. Jeffreys bautizó a su herramienta como *DNA Fingerprints*, que en castellano podría traducirse como “huellas digitales de ADN”. El científico Daniel Corach detalla el funcionamiento de esta técnica:

La “lectura” de estos complejos patrones de bandas –cada una de las cuales representa un fragmento de ADN de diferente tamaño– permitía establecer vínculos biológicos de parentesco. Así, un descendiente comparte con cada progenitor aproximadamente la mitad de sus bandas. El análisis estadístico de estos experimentos no sólo permitía desestimar la existencia de vínculos de parentesco –excluir– sino también establecerlos –incluir– con valores estadísticos asombrosos.⁷

A este importante hallazgo se sumó el desarrollo posterior, en 1992, de la técnica PCR (reacción en cadena de la polimerasa), una suerte de fotocopiadora genética, que hizo posible amplificar los pequeños fragmentos de ADN⁸. El propio Corach explica los avances que determinó este sistema:

Esta nueva metodología permitió detectar secuencias denominadas microsatélites y presenta una elevada sensibilidad, hecho que permite analizar muestras de ADN muy escasas y altamente degradadas. Esta nueva herramienta permitió que la restricción temporal cediera ante la inquietud científica y fue posible aclarar vínculos entre personas muertas mucho tiempo antes, como la familia de Nicolás II, último zar de

Rusia y sus familiares asesinados en 1917 [...] Además de casos de interés histórico, esta herramienta permitió la realización de los análisis de paternidad de manera automatizada, en tiempos extremadamente cortos, y facilitó el análisis simultáneo de un gran número de muestras. [...] Dado que investigamos marcadores genéticos heredados de ambos progenitores (marcadores biparentales), podremos detectar no sólo vínculos directos madre-hijo-padre sino también otros más complejos como aquellos casos en los que no disponemos del material genético del padre: así podríamos analizar la información genética de ambos progenitores del padre no disponible y de esta forma reconstruir el posible perfil genético que habría tenido el ausente.⁹

El ADN es la molécula hereditaria que se transmite de padres a hijos, cuyas unidades de información, llamadas genes, codifican la producción de energía en las células. El 99 por ciento del ADN se encuentra en los cromosomas, en el núcleo de las células. Por eso se denomina ADN nuclear. Sin embargo existen dos importantes excepciones a esta regla, una de ellas es la “herencia del ADN mitocondrial”, en la que el 100 por ciento del ADN proviene de la línea materna.

La mitocondria es una pequeña organela situada dentro de la célula y que posee su propio material genético que codifica enzimas relacionadas con la respiración celular. A diferencia del ADN nuclear, que es una “mezcla” de los ADN de los cuatro abuelos, la mitocondria se hereda exclusivamente de la madre, que a su vez es una copia (casi) exacta de la de la abuela materna.

Si los estudios se remontaran atrás cinco generaciones, se encontraría que el ADN nuclear proviene de la contribución de 32 individuos, mientras que el ADN mitocondrial viene directamente de la tatarabuela por vía materna. Esta circunstancia facilita enormemente el análisis. Es difícil saber de quién se ha heredado unos ojos verdes, pero se puede saber perfectamente de quién se ha heredado la mitocondria. Por eso lo más interesante es cómo se hereda el ADN de las mitocondrias de generación en generación. La genetista Viviana Bernath describe el proceso:

Cuando se produce la fecundación a través de la unión del óvulo y el espermatozoide se pierden las mitocondrias de origen paterno y solamente se conservan las maternas. Por lo tanto todas, las células que se originan heredan el genoma mitocondrial de su madre. Así, una madre da a todos sus hijos idéntico ADN mitocondrial al que ella recibió, y así sucesivamente. Esta herencia a través de las mujeres de una familia se denomina estudio de la línea materna. Esto explica el estudio del ADN mitocondrial para la identificación del vínculo entre abuela materna y nieto/a. El ADN mitocondrial presenta dos regiones llamadas D-Loops con importantes diferencias en su secuencia entre personas no relacionadas. La identificación de estas variaciones puntuales permite establecer un patrón de ADN mitocondrial capaz de identificar a un individuo.¹⁰

Mary-Claire King fue una de las pioneras en ADN mitocondrial. De hecho fue alumna de Allan Wilson, un genetista de la Universidad de California que a mediados de los 80 determinó con ayuda del ADN mitocondrial de dónde provenían los primeros hombres. Sus análisis condujeron al conocimiento de que las mujeres de procedencia africana tienen una diversidad de variantes de ADN dos veces mayor que la población femenina en otras regiones. Y como las mutaciones se presentan a distancias regulares, concluyó que el *Homo sapiens sapiens* vivió dos veces más tiempo en África que en otras partes del mundo.

Hoy los investigadores parten del supuesto de que todos los seres humanos están emparentados con una única mujer: la “Eva mitocondrial”. Ella vivió hace 150.000 años en África y con certeza no era por entonces la única mujer. Pero los últimos avances indican que la humanidad entera desciende de esta mujer a través de una cadena ininterrumpida de madres¹¹. Gracias a estos descubrimientos Wilson se ganó el apodo de “padre de Eva”¹².

En septiembre de 1987 Mary-Claire King viajó a Buenos Aires para trabajar una restitución junto con la gente del Hospital Durand. Se trataba de una niña que había nacido en cautiverio y que había sido anotada

como propia por un matrimonio vinculado a la policía. Los estudios sanguíneos y de HLA fueron suficientes para identificarla y el Juzgado Federal de San Martín dictaminó que la niña fuera restituida a su familia biológica. No obstante su caso reveló una verdad obvia pero importante. Mary-Claire King lo explica:

La genética era poderosa, pero en ese caso fuimos también muy afortunados. La única abuela viva era su abuela materna y no había parientes vivos de su madre y su padre. Pero la primera nieta de la abuela también estaba viva, entonces los genotipos de ambas proveyeron suficiente información genética para obtener una probabilidad mayor al 99 por ciento de que la niña pertenecía al grupo familiar. Pero de inmediato surgió la cuestión de qué haríamos con una familia con muy pocos sobrevivientes.¹³

Meses antes, con la creación del BNDG, las Abuelas habían logrado un gran avance, pero en la práctica esto significaba que la información genética de cada chico tendría que ser cruzada con muchas familias. Hasta entonces los análisis se habían hecho a partir de hipótesis puntuales, basadas en las pruebas reunidas por las Abuelas. Pero si iban a ser 200 familias las analizadas, eran necesarias muestras igualmente puras y frescas cada vez. Era indispensable más información genética. Mary-Claire King cuenta la situación:

Teníamos dos nuevos problemas científicos a resolver. Muchas familias tenían uno o unos pocos parientes vivos, y nosotros teníamos ahora un gran número de familias con las cuales debíamos analizar a los chicos. ¿Cómo podíamos hacer? Yo estaba meditando este tema en la oficina de las Abuelas. Ellas, como solían hacer, me abrazaron y me dieron una taza de té fuerte. “Volvé a Berkeley, querida”, me dijo una de ellas, “y nos llámame en un par de semanas cuando hayas podido resolver el problema”.¹⁴

Eso fue lo que hizo. Volvió a los Estados Unidos, estudió el problema y allí se terminó de convencer: el ADN mitocondrial era la molécula ideal

para la búsqueda de las Abuelas. La identificación por ADN mitocondrial podía realizarse mediante la técnica de PCR. El laboratorio de Allan Wilson, en ese momento, estaba utilizando PCR en estudios de ADN mitocondrial y había desarrollado métodos rápidos y seguros para secuenciar directamente el material genético.

Mary-Claire King sabía que había que evitar, a toda costa, identificaciones erróneas. Y el ADN mitocondrial presentaba la inmejorable convergencia de tres elementos de la biología y la tecnología: una molécula exclusivamente materna, por lo cual cualquier pariente materno podría ser sustituido por otro pariente materno; extraordinarios niveles de variabilidad genética; y una secuenciación simple y directa¹⁵. Meses después Mary-Claire King realizaría la primera identificación a través de ADN mitocondrial.

Las Abuelas enviaron a Berkeley muestras de sangre de Matilde Herrera, madre de Valeria y Martín Beláustegui; de Ebe López Guerra, madre de Cristina López Guerra; y de Alejandro, un chico de diez años que podía ser el nieto de alguna de ellas dos. Las historias de ambas abuelas se cruzaban trágicamente. En mayo de 1977 Valeria, la hija de Matilde, y su esposo Ricardo Waisberg, fueron desaparecidos. En julio de ese año el hermano de Valeria, Martín Belásutegui, fue secuestrado junto con su esposa María Cristina López Guerra. El hermano mayor de Valeria y Martín también fue desaparecido. Valeria y María Cristina estaban embarazadas de tres meses cuando fueron secuestradas. Mary-Claire King relata el análisis:

Si Alejandro fuera el hijo de Valeria y Ricardo, Matilde Herrera debería ser su abuela materna y sus secuencias de ADN mitocondrial deberían coincidir. Si Alejandro fuera el hijo de María Cristina y Martín, Ebe López Guerra debería ser su abuela materna y sus secuencias mitocondriales deberían coincidir. Pero Alejandro resultó no ser el nieto de Matilde ni de Ebe. Analizamos cuatrocientos pares de ADN mitocondrial y encontramos que él difiere de Matilde en tres *locus* y de Ebe en ocho. Alejandro no es el nieto de estas familias. Las Abuelas todavía están a tiempo de determinar su identidad.¹⁶

Las Abuelas supieron que disponían de una herramienta más para su búsqueda. A los estudios de grupos sanguíneos, HLA, isoenzimas eritrocitarias y proteínas plasmáticas, ahora se sumaba el ADN mitocondrial. Y a esta batería de sistemas de identificación pronto se sumaría otra, puesto que las investigaciones mencionadas dieron como resultado el hallazgo de los marcadores del cromosoma Y para el seguimiento de la línea paterna, que son la segunda excepción a la regla que establece que el ADN se recibe en un 50 por ciento de la madre y en otro 50 por ciento del padre.

Por medio de la herencia del cromosoma Y –“el Adán molecular”– todos los varones de una familia comparten el mismo patrón genético característico. Esta secuencia determinada del cromosoma Y avanza de generación en generación, de padres a hijos, de hijos a nietos, sólo de sexo masculino.

Este estudio, conocido como “de la línea paterna”, es muy útil para analizar el vínculo biológico entre primos, tíos y abuelos, y en conjunto con los restantes sistemas de identificación, pasó a formar parte de una sumatoria de sistemas con un grado de exactitud irrefutable¹⁷. Víctor Penchaszadeh aclara un poco lo que significa tener una multiplicidad de métodos para hacer los análisis:

La genética, máxime hoy con el ADN, se convirtió en algo muy sencillo. Por ejemplo, cuando se trata de elegir entre ADN nuclear y ADN mitocondrial, la diferencia reside en una cuestión oportunística, si sirve más uno u otro. El nuclear se transmite por ambas vías, paterna y materna; el mitocondrial se transmite solamente por vía materna. Si tenemos una familia sin muestras del lado paterno, obviamente las mitocondrias son el único camino. Si hay parentesco, es casi imposible encontrarse con una probabilidad baja, porque el ADN mitocondrial tiene áreas con altísima variabilidad, son genes que han sufrido mutaciones a lo largo de la historia y la prehistoria. Desde que apareció el ADN, las controversias en la identificación prácticamente desaparecieron, está muy sofisticado el conocimiento, y muchos de los cálculos para determinar inclusión de-

penden de conocer cuál es la frecuencia en la población de las distintas variaciones genéticas. Existen además bases de datos donde se puede saber cuán común o cuán rara es una variante, lo cual permite afinar los cálculos y mejorar las probabilidades. Aún así la probabilidad es cero o casi cien, no hay probabilidades intermedias. Si no son parientes la exclusión es inmediata, pero si no hay exclusión seguro que hay parentesco.¹⁸

10. El segundo equipo de filiación

Entre 1989 y 1990 las Abuelas atravesaron una etapa de recambio institucional. Rosa Roisinblit pasó a ocupar el cargo de vicepresidenta y Estela Carlotto el de presidenta. El reacomodamiento incluyó cambios de comisión directiva así como de equipos técnicos y administrativos¹.

El primer equipo de genética de Abuelas, integrado por Jorge Berra, Diana Grinson y Morris Tidball Binz, luego de cinco años de valioso trabajo, dejó paso al segundo equipo, encabezado por el médico sanitarista Hugo Spinelli, quien comenta cómo fue su ingreso a la asociación:

Entré en Abuelas en 1989 y estuve hasta 1992. No tenía ni tengo ni tendré ninguna formación en genética. Entré porque me convocó el coordinador de los equipos técnicos y acepté por militancia y por respeto a la lucha de las Abuelas, e hice lo que yo sé hacer, como sanitarista, organizar bien el tema de gestión. La tarea era clara, había que armar los árboles, había que ponerse a trabajar en la búsqueda de familiares, y creo que hicimos un buen trabajo porque encontramos muchísima gente. También tuve la tarea también de llevar adelante la relación con Ana María Di Lonardo, la directora del Banco.²

La articulación entre Abuelas y el BNDG se había resentido luego del caso Treviño y varios atropellos judiciales. La Argentina, por esa época también vivía su recambio institucional con la salida adelantada de Raúl

Alfonsín y la llegada de Carlos Menem a la presidencia. Este último sellaría con los indultos el círculo de impunidad iniciado por su antecesor: los represores que no habían sido favorecidos por las leyes de Obediencia Debida y Punto Final, ahora quedaban libres de culpa y cargo por los decretos de Menem.

Las causas por apropiación de menores, que no habían podido ser archivadas, cerradas y sobreesídas, se convirtieron más que nunca en la bandera de los organismos de derechos humanos, ya que representaban la única fisura que mostraba la Justicia para condenar a los represores. Pero en este escenario saldrían a la luz el peso de antiguas lealtades, como ocurrió en el caso de los mellizos apropiados por el ex subcomisario Samuel Miara –torturador y violador conocido como “Cobani” o el “Turco González”– y por su esposa Beatriz Castillo.

Las Abuelas tenían datos sobre los mellizos a raíz de una denuncia surgida del propio entorno de la familia Miara-Castillo, pero recién en 1984 se pudieron reunir pruebas suficientes para acusar a los apropiadores. La pista indicaba que los mellizos podían pertenecer al grupo familiar Rossetti-Ross. El juez a cargo de la causa, Miguel Pons, ordenó los análisis genéticos, pero los Miara, al conocer la medida, se fugaron del país con los chicos. A principios de 1987 los Rossetti-Ross y las Abuelas localizaron al represor, su esposa y los mellizos en Paraguay e informaron de esto al Ministerio de Interior argentino.

En Asunción los Miara eran amigos de otro apropiador, el mayor Norberto Bianco, y disfrutaban de la protección de la policía paraguaya. Hubo que esperar hasta mayo de 1989, cuando cayó la dictadura de Alfredo Stroessner, para que Interpol atrapara a la pareja y se diera curso al pedido de extradición del Estado argentino³.

El giro desconcertante se produjo cuando el análisis de histocompatibilidad ordenado por el juez Pons descartó que los mellizos fueran hijos del matrimonio Rosetti-Ross, como se había pensado. El magistrado ordenó cruzar los datos con todos los registrados en el BNDG. Sólo había dos familias que sabían que sus nietos desaparecidos eran mellizos: una era la familia Rosetti-Ross, y la segunda era la Reggiardo-Tolosa.

El Banco informó que los mellizos eran hijos de María Rosa Tolosa y Juan Enrique Reggiardo, ambos desaparecidos, con un 99,99 por ciento de probabilidad, el porcentaje más alto registrado hasta entonces⁴. Fue un caso difícil. Las dos familias habían sido diezmadas por la dictadura. Incluso la madre de Juan Enrique, Antonia Oldani de Reggiardo, fue desaparecida junto con su hijo y su nuera. Se tomaron muestras de 17 familiares para determinar la filiación de los mellizos.

La fiscalía especial dedicada a seguir los casos de chicos apropiados, creada por Alfonsín en 1988 a pedido de las Abuelas, jugó un papel importante en todo el proceso. Encabezada por Aníbal Ibarra y Mariano Ciaffardini, la comisión participó de la búsqueda y localización de parientes y de las derivaciones posteriores de la causa. Hugo Spinelli cuenta un episodio que vivió con Ibarra:

Lo pasamos a buscar a Aníbal Ibarra, en auto. Salimos a recorrer la provincia de Buenos Aires, tocando timbre, buscando familiares de los mellizos para analizar. Cierta vez le sacamos sangre a una mujer y entró un tipo y casi nos saca a patadas, “¡quiénes son ustedes!”, nos gritaba. Ibarra lo calmó un poco, le explicó, y lo fue convenciendo para que cesara en su actitud.⁵

Pronto el trabajo del área genética de Abuelas resultó inabarcable. Hacía falta más gente. Así se sumó al equipo Mario Vinocur, un estudiante avanzado de medicina y ex militante del Partido Intransigente. Él mismo recuerda cómo llegó a Abuelas:

Hugo [Spinelli] era pediatra médico, yo lo conocía por unas jornadas de atención primaria de la salud, y él me acercó la propuesta de trabajar en Abuelas. Y acepté. Con Hugo empezamos a visitar las familias y a construir árboles genealógicos. También armamos carpetas nuevas de todos los casos y contactamos a los familiares, y de este modo tratábamos de armar los rompecabezas. Si faltaba un familiar íbamos viendo cómo reconstruir con otros familiares la información genética. Viajamos al inte-

rior y al exterior, nos turnábamos en los viajes con Hugo, algunos hacía yo, algunos él.⁶

Apenas ingresado a la institución Vinocur se puso a trabajar en el caso Reggiardo-Tolosa. “Hubo que sacarle sangre a muchos familiares. Fuimos encontrando parientes que eran difíciles de encontrar porque teníamos muy pocos datos”⁷. Incluso se le llegó a extraer una muestra de sangre a una tía de los mellizos que vivía en los Estados Unidos, para lo cual Víctor Penchaszadeh llamó por teléfono a José Ocariz, un médico de la Universidad Irvine de California. El propio Ocariz cuenta los detalles de aquel llamado:

El doctor Penchaszadeh me llamó diciendo que había una señora en el condado de Orange que necesitaba hacer un estudio de HLA para determinar el genotipo, el haplotipo de un caso muy sonado, de unos mellizos en Buenos Aires. Le comenté al doctor Penchaszadeh que tendría mucho gusto en hacerlo; le pregunté si sabía con quién estaba hablando, me dijo que no; si sabía que yo era argentino, dijo que no; fue el comienzo de una hermosa amistad con el doctor Penchaszadeh que continuó a través del teléfono por dos o tres años hasta que finalmente nos conocimos.⁸

A pesar de todo este trabajo y la inclusión de los mellizos en la familia Reggiardo-Tolosa, el juez Pons, contra toda lógica, excarceló a los apropiadores y les entregó en guarda a los chicos, de quienes había dispuesto él mismo por considerarlos víctimas de delito, en estado de peligro o abandono moral.

Por su parte, el abogado defensor de Miara (y del ex dictador Roberto Viola, del ex jefe de la Policía de la Provincia de Buenos Aires Ramón Camps y del cabecilla de la sublevación de Semana Santa, Aldo Rico), Edgardo Frola, objetó el informe realizado por el BNDG alegando que en su Consejo Asesor participaban las Abuelas de Plaza de Mayo.

El asesor de menores designado por Pons, y defensor oficial del ex dictador Jorge Rafael Videla, Carlos Alberto Tavares, también solicitó la

nulidad del peritaje. Ambos adujeron que el Banco había efectuado los análisis por iniciativa propia –cuando el propio juez Pons había pedido el estudio– y que no había existido control de parte, cosa que de haber estado interesados podrían haber hecho⁹.

Antes de excusarse del caso y a pedido del abogado de Miara, Pons dispuso que se iniciaran acciones contra la directora del Banco, Ana María Di Lonardo, por presunto incumplimiento de los deberes de funcionaria pública. ¿Por qué motivo? Para completar el examen de HLA recibió el análisis de la tía de los mellizos, residente en Estados Unidos, efectuado por José Ocariz, director médico del Banco de Sangre de la Universidad de Irvine. El periodista Horacio Verbitsky denunció la maniobra en contra del BNDG:

El 24 de noviembre de 1989 el secretario de Calidad de Vida de la Municipalidad de Buenos Aires, Alberto Cormillot, concedió licencia por tres y dos meses a los directivos del BNDG, Ana María Di Lonardo y Leonardo Corral, para que asistieran a un curso de biología molecular en el Centro de Estudios sobre Polimorfismo Humano del Hospital Saint Lois de París, el más afamado del mundo, con pasajes y gastos sufragados por la fundación que dirigía la esposa del presidente galo, Danielle Mitterand. En la resolución Cormillot hizo constar que la invitación recibida “prestigia a los nombrados y demuestra el alto nivel alcanzado por nuestros profesionales”. No obstante muchos indicios llevaban a pensar que éste podría ser el pretexto que permitiera a la entonces directora del Hospital Durand, Rita Regueiro, dismantelar el Banco. En cuanto Di Lonardo y Corral partieron, las autoridades del Durand forzaron la renuncia de la funcionaria que había quedado a cargo, Cristina Llorente de Carlín, negándole autorización para ir al Workshop Latinoamericano de Histocompatibilidad en México, y llamaron a concurso para reemplazarla, como si el servicio hubiera quedado acéfalo, pese a que existían otros profesionales de planta en condiciones de cubrir un interinato de pocos días.¹⁰

En dos años nueve profesionales del Banco habían renunciado, dos por razones personales y siete por mejores ofertas profesionales o económicas (dos de Europa, dos de la actividad privada y tres del Hospital de Niños, donde se había creado un nuevo servicio de Inmunología Pediátrica). Ninguno de ellos había sido reemplazado¹¹.

Lejos de la situación inestable que se vivía en la Argentina, Ana María Di Lonardo aprovechó su viaje a Francia para estudiar una vez más el caso de los Reggiardo-Tolosa, pero esta vez por medio de técnicas de exploración del polimorfismo del ADN. Di Lonardo puntualiza algunos de los aspectos técnicos del proceso:

Este era un caso que sobre cuatro abuelos posibles había uno solo, pero el abuelo materno, por tanto no teníamos mitocondrias allí. Pero afortunadamente había hermanos de los abuelos paternos, de ambos, y hermanos de la abuela materna fallecida. Y había hermanos de los desaparecidos, por tanto, con todos ellos y con sondas *Unilocus* de Jeffreys, se pudo realmente reconstruir absolutamente todos los que podrían ser posibles alelos del lado paterno y todos los que podían ser posibles alelos del lado materno. Y estos gemelos, homocigotas, mostraron con cada una de las sondas *Unilocus* exploradas que podíamos tomar el alelo paterno y el alelo materno. Es decir, para presentación de informes a la Justicia de parte del BNDG, aunque en aquel momento no lo hayamos podido hacer en el país, tuvimos la ocasión de presentar un estudio que complementó.¹²

En marzo de 1990 Ana María Di Lonardo volvió a Francia, pero esta vez para recibir el Premio a los Derechos Humanos de la República Francesa por los aportes del Banco en la identificación de los niños desaparecidos. Durante este viaje, por otra parte, confirmó que Juliana Treviño no incluía en la familia Sandoval-Fontana.

La nominación de Di Lonardo fue una iniciativa de Michelle Mitterand, quien ya había mostrado su solidaridad con la lucha de las Abuelas. Con los 20.000 dólares del premio el BNDG pudo adquirir los aparatos mínimos indispensables para investigar el ADN¹³.

La distinción fue una buena noticia en un contexto político adverso. Luego de que el juez Ricardo Wechsler se hiciera cargo del caso Reggiardo-Tolosa, dos fallos ratificaron la validez de los exámenes genéticos. Pero los chicos, ya adolescentes, se negaron a dejar a los Miara. La decisión final quedó en manos del juez Jorge Ballestero, quien en diciembre de 1993 resolvió que los chicos fueran a vivir con su familia biológica¹⁴.

Los principales medios del país, que ya venían cubriendo el caso con poca seriedad, presentaron la restitución como algo dañino para los mellizos. Nada se decía de los padres biológicos asesinados y menos aún de los delitos cometidos por los apropiadores, como ya había ocurrido en otros casos. Penchaszadeh expresa su opinión al respecto:

El caso de Gonzalo y Matías Reggiardo fue complicado por el hecho de que los apropiadores lograron, de un modo o de otro, conservar la guarda de los chicos por muchos años luego de que ya se había comprobado que eran criminales. La Justicia fue muy lenta, los apropiadores fueron hábiles para manipular la situación a través de sus contactos políticos, y el Gobierno estaba interesado en borrar de la memoria de la población todos los crímenes cometidos durante la dictadura militar.¹⁵

El esfuerzo de algunos medios por deslegitimar la lucha de las Abuelas era evidente. “En ese momento nos dimos cuenta que había que cambiar la forma de búsqueda. La gente no entendía nada, estaba muy confundida, especialmente la que decía ‘estos chicos están bien criados, no les falta nada’”, explica Abel Madariaga, coordinador de los equipos técnicos de la institución¹⁶.

La sociedad no entendía de qué se trataba el derecho a la identidad y tampoco entendía que el delito y el sufrimiento que padecían los niños apropiados había ocurrido al ser arrancados de los brazos de sus padres –cuando les negaron su historia y el vínculo afectivo con sus familias biológicas– y que seguía ocurriendo al ser retenidos por sus apropiadores. Según Hugo Spinelli, Abuelas había logrado problematizar un tema hasta entonces ignorado u ocultado:

La Argentina es un laboratorio de movimientos sociales, de lo que sea, uno de ellos derechos humanos, y dentro de este movimiento está Abuelas. El tema de la restitución era un tema impresionante. Yo hacía una lectura como pediatra y como sanitarista de ese fenómeno. Abuelas, ya por entonces, estaba haciendo un doble trabajo, un trabajo específico, de interés propio, pero a la vez otro trabajo muy interesante de problematización social de la temática de la restitución. Y éste es el aporte que ha hecho Abuelas y no sé la sociedad hasta qué punto es conciente de esto, de cómo logra Abuelas problematizar un tema y socializar su conocimiento.¹⁷

11. El banco de ADN mitocondrial

Con la idea de comenzar a revertir este escenario, las Abuelas realizaron en abril de 1992 un Seminario Internacional sobre Filiación, Identidad y Restitución. Más de 1.000 personas participaron del encuentro, que duró tres días y fue de carácter multidisciplinario.

“El caso de los mellizos fue muy traumático. Estaba todo el tema de ‘cómo se los van a sacar a los padres del amor’. La premisa del seminario era rebatir todo eso desde un aspecto científico, instalar seriamente el tema del derecho a la identidad y trabajar aparte el tema de la restitución”, explica Mario Vinocur¹.

“Además la institución cumplía quince años y tratamos de jugar un poco con eso –agrega Hugo Spinelli–. Era un mensaje muy particular: las Abuelas cumplen quince años. Y todo esto en un momento en que el tema de derechos humanos parecía haber tocado fondo”².

El propio Spinelli, con la ayuda de Cristina Barreiro, jefa del Servicio de Genética Médica del Hospital Garrahan, se ocupó de contactar a los científicos que participaron en las mesas de genética: Mary-Claire King, jefa del Laboratorio de Epidemiología Genética de la Escuela de Salud Pública de la Universidad de California de Berkeley; Wilma Bias, directora del Laboratorio de Inmunogenética del Hospital Johns Hopkins de Baltimore y jefa del Programa de Análisis Genéticos para Trasplantes e Identificación Humana; Víctor Penchaszadeh, quien por entonces ya era jefe de Genética Médica del Centro Médico Beth Israel de Nueva York y miembro del Panel de Expertos en Genética Humana de la Organización

Mundial de la Salud (OMS); Ana María Di Lonardo, jefa del BNDG; Daniel Corach, investigador de la UBA y jefe del laboratorio de genética molecular del Instituto Multidisciplinario de Biología Celular (IMBICE), y José Ocariz, director del Banco de Sangre del Centro Médico de la Universidad Irvine de California.

Todos los panelistas coincidieron en la necesidad de sumar métodos. Ana María Di Lonardo resumió bien ese espíritu:

La descripción genética tiene que ser explorar la mayor cantidad de cromosomas posibles, para tener realmente clara noción de la identidad. Por eso es nuestro espíritu tratar de sumar uno más, pero no reemplazar, sumar la exploración del ADN, tanto sea nuclear, la doctora Mary-Claire King seguirá con el mitocondrial, realmente sumarlo a todos los otros marcadores para poder tener máxima certeza.³

Precisamente las Abuelas, con ese mismo espíritu de sumar métodos, habían empezado a armar en 1991 un banco de ADN mitocondrial en el laboratorio de Mary-Claire King en Estados Unidos. Este banco les serviría para sumar certezas en la identificación de sus nietos. En marzo de ese año, la policía, a instancias de la Justicia, había entrado al BNDG y había retirado muestras de sangre. Este hecho convenció a las Abuelas de que necesitaban algún reaseguro. Mario Vinocur especifica el objetivo del banco:

El banco mitocondrial nos iba a servir para tratar de ubicar a los familiares sólo con la línea materna. Empezamos a sacar sangre en la sede de Abuelas, teníamos una heladerita con sangre guardada que cada tanto mandábamos con Víctor [Penchaszadeh] o con otra gente que viajaba a los Estados Unidos. Cuando teníamos dudas con algún chico, se cotejaba con la sangre almacenada en este banco.⁴

El primer viaje lo hizo Hugo Spinelli en 1991. Fue en un avión de línea con una heladera llena de tubos de sangre. Cuando arribó a Los Angeles

Spinelli se tomó un colectivo y se dirigió al lugar donde se iba a encontrar con el médico argentino José Ocariz para ir desde allí al laboratorio de Mary-Claire King. “Cuando me bajé del colectivo me di cuenta que me había citado en un bar que tenía un Mickey gigante, así que yo estaba con una heladera llena de sangre y a Mickey mirándome, y pensé que era una cargada, hasta que apareció Ocariz en el auto y me tranquilicé”, recuerda Spinelli⁵.

Con el banco de ADN mitocondrial en marcha, el equipo de genética de Abuelas debió recorrer el país —y otros países— para realizar nuevas extracciones de sangre y para convencer a quienes aún se negaban a hacérselas. Mario Vinocur detalla cómo fue este proceso:

Llegaba algún financiamiento en ese momento, y con ese dinero nosotros viajábamos, conseguíamos pasajes también a través de diputados que nos daban sus pases para viajes en avión. Armábamos operativos para ir a varios lados. Una vez fuimos a sacar sangre a Tucumán, viajamos en colectivo a Santiago del Estero, volvíamos a Tucumán, sacábamos más sangre en Tucumán, volábamos en avión a Mendoza, de ahí nos íbamos a Córdoba. Hice algunos viajes en coche, a Córdoba, a Rosario, y, más frecuentemente, a La Plata y al Gran Buenos Aires. A veces usaba mi propio taxi.⁶

También se hicieron extracciones de varios grupos familiares a la vez en la casa de las Abuelas. “Era un momento de encuentro y eso era lo que movilizaba, el hecho de ver las caras más que poner el brazo para que les saquen sangre”, dice Vinocur⁷.

Además de trabajar en Abuelas y estudiar medicina, Vinocur era taxista. Pero en las horas que no usaba su taxi se lo prestaba a Juan Simes, un dirigente villero que casualmente también era amigo de Daniel Bustamante. “A Juan Simes yo lo conocía de la APDH, y a partir de él conocí a Mario Vinocur, y después me lo volví a encontrar”, señala Bustamante⁸.

En Abuelas, Spinelli, Vinocur y Bustamante se pusieron a trabajar en una nueva reestructuración de las bases de datos del área genética. Las bases de las que disponían se habían vuelto muy rígidas y lo único que

permitían era poner el nombre de familiar, el grado de parentesco, el domicilio, el teléfono, y si se había analizado o no. Bustamante brinda precisiones sobre esta tarea:

La idea fue reestructurar la vieja base que habíamos hecho con Diana Grinspon y con Morris Tidball Binz. Hugo [Spinelli] y Mario [Vinocur] nos presentaron sus requerimientos, porque en realidad la informática funciona así —el que más tiene que utilizar la base es el que plantea los requerimientos que necesita y se trata de ajustarlo a sus necesidades—, y el que hizo todo el trabajo grueso de programación fue Rafael [Macela]. Con él empezamos a generar bases donde se pudiesen imprimir los árboles genealógicos, donde se pudiese ver en detalle en qué fecha se había sacado cada muestra, para saber si se podía utilizar en un nuevo análisis o no, si el familiar se había sacado una, dos, tres veces. Al principio no incluíamos a los fallecidos, pero después los incluimos para armar los árboles genealógicos completos. Tratamos de generar una codificación que permitiese describir los grados de parentesco con suficiente claridad. Con Hugo [Spinelli] y con Mario [Vinocur] la base de datos de genética dio un salto en cuanto a la calidad de información a la cual se podía acceder de forma rápida y sencilla.⁹

Para enero de 1992 el banco de ADN mitocondrial contaba con un buen número de muestras, y aumentaba día a día. Mary-Claire King, por entonces, escribía lo siguiente:

Las Abuelas continúan recolectando muestras de sangre de cientos de familiares sobrevivientes que buscan a sus chicos. La semana pasada, llegaron muestras de 21 parientes; esperamos 32 muestras más para la semana próxima. Mi hija Emily, de 16 años, cuyo español es mucho mejor que el mío, leyó la documentación que acompaña el envío de esta semana. “Tres chicos más se acercaron a las Abuelas en busca de ayuda”, dijo. “Ellas hicieron una lista de las familias que podrían ser de cada chico, pero quieren que tú cruces la información de todas las familias con esos

tres chicos”. Emily sonrió. “Por supuesto, quieren tus resultados *lo más pronto posible* [en español en el original]”.¹⁰

En 1993 esta mecánica de trabajo demostró su utilidad en el caso Abdala-Falabella, una pareja desaparecida en 1977 junto con su hijo de dos años y medio. En 1992 las Abuelas localizaron a un joven de 17 años que podía ser Sabino, el hijo de la pareja.

El perfil genético del muchacho fue comparado con los del hermano, la hermana y los padres de Victoria Falabella. Las pruebas de HLA y ADN nuclear efectuadas en el Hospital Durand arrojaron una muy alta probabilidad de inclusión. El laboratorio de Mary-Claire King en Berkeley brindaría la confirmación adicional a partir del análisis de ADN nuclear y la secuenciación de ADN mitocondrial. Víctor Penchaszadeh explica algunos aspectos del test:

El análisis de dos *loci* del cromosoma 12 y cuatro *loci* del cromosoma 17 era consistente con la hipótesis de que sus presuntos abuelos fueran finalmente sus abuelos verdaderos. Las secuencias de dos segmentos informativos de ADN mitocondrial, de 344 y 325 nucleótidos de largo, mostró secuencias idénticas entre el chico, la hermana y la madre de Victoria Falabella, como era de esperar si el joven fuera efectivamente Sabino. La probabilidad total de que el chico era nieto de Eduardo Falabella y Carmen De Felice fue de 99,9 por ciento. El juez del caso ordenó la restitución de la identidad de Sabino, quien pudo comenzar a reconstruir su historia con la ayuda y el amor de sus abuelos, tíos y primos.¹¹

Las Abuelas y Mary-Claire King establecieron una relación de mucha confianza desde que se conocieron. La genetista estadounidense había sufrido en carne propia la represión durante su estadía como profesora en la Universidad de Santiago de Chile y conoció de cerca los horrores de la sangrienta dictadura de Augusto Pinochet.

El mismo día que se produjo el golpe de Estado ella se encontraba de viaje en Washington. En Santiago estaban su marido y un querido grupo

de estudiantes. Al intentar volver a la capital chilena, su avión fue retenido tres semanas en Argentina, poco antes de la muerte de Perón.

Cuando llegó a Santiago, las cunetas de la carretera estaban atestadas de cadáveres. “Había empezado una matanza atroz. Encontré a mi marido vivo, pero algunos de nuestros estudiantes habían desaparecido o muerto misteriosamente. Tuvimos que volver a Estados Unidos y fuimos a la Universidad californiana de Berkeley, antes de vivir en Seattle, donde residimos ahora”, cuenta Mary-Claire King¹².

A principios de los 80, en Berkeley se creó el grupo Democracia para Chile, en el que King y su esposo participaron activamente. Por esa época conoció a las Abuelas y todavía hoy recuerda su primera semana con ellas en Buenos Aires:

Una noche, tarde, mientras yo trataba de forzar mi atención y mi español al límite en un esfuerzo por absorber todo, me volví hacia una abuela que me estaba mostrando una fotografía de un centro de detención en la cual se veía una pared con nombres de bebés escritos con sangre, y le conté a esta abuela que ella me hacía acordar a la señora Defarge. Ella me miró con expresión confundida y me preguntó: “¿Quién es la señora Defarge?”. (Argentinos y estadounidenses no necesariamente leen los mismos libros en la escuela secundaria.) Entonces le expliqué cómo la señora Defarge pasó los años antes de la Revolución Francesa tejiendo bufandas con los nombres de aquellos que habían encarcelado y matado gente y contra los que el pueblo se levantaría más tarde. La abuela sonrió y dijo: “Querida amiga, ya no tengo tiempo para tejer, ahora uso una computadora”. Para mí, esto expresa lo que siempre representarán las Abuelas. Esta abuela tenía 68 años. Ella tiene el derecho de estar en casa tejiendo para sus nietos, pero ya no tiene a su nieto. Ya no tiene a su hijo. La vida ha sido muy injusta con ella; la respuesta de ella fue aprender a usar una computadora.¹³

La señora Defarge es un personaje de la novela *Historia de dos ciudades*, de Charles Dickens, que aparece siempre sentada y silenciosa, pero bajo

esta aparente pasividad ella va tejiendo de forma secreta un código con los nombres de los traidores a la Revolución. Y así, pacientemente también, las Abuelas iban obteniendo resultados. A partir de su reclamo de justicia habían logrado establecer un diálogo con la ciencia y la técnica, y habían llenado a éstas de un contenido ético y humanitario.



Mario Vinocur, médico pediatra y ex integrante del equipo genético de Abuelas.

12. La articulación institucional

En 1991 el BNDG estableció su propio sector de ADN mitocondrial, para lo cual hubo que retomar muestras de sangre de familiares. Hugo Spinelli y Mario Vincour, junto con los técnicos del Banco, fueron los encargados de realizar esta tarea. Cuando Spinelli se fue de Abuelas, en 1992, Vincour pasó a coordinar el equipo genético. Él mismo recuerda algunos de los viajes con los técnicos del Banco:

Pudimos costear que viajara la gente del Banco y que sacara sangre, traer a todos los familiares a Buenos Aires era algo impensable. Cierta vez organizamos un viaje a Concordia, adonde fueron además familiares de Uruguay que vivían en Salto, justo enfrente. Nos encontramos todos en el aeropuerto, ahí tuvimos que pedir que nos prestaran un lugar para hacer las extracciones. Tenía que estar todo bien planeado porque no se podía tener la sangre mucho tiempo, aunque estuviera conservada en hielo seco. En Concordia, por ejemplo, el avión nos tuvo que esperar para volver, y para colmo era un avión chiquito que temblaba todo. Había que hacer todo rápido y salir”.¹

Dos años más tarde, en 1993, saldría el primer estudio de ADN mitocondrial del Banco. “Para nosotros es nuestro método de *screening*. Una vez asegurada cuál es la rama materna, o con una idea de cuál es, apuntamos con las demás metodologías, ADN nuclear, cromosoma Y y HLA, que no cayó en desuso sino que constituye un marcador más”, explica María

Belén Rodríguez Cardozo, actual coordinadora técnico-administrativa del Banco².

Belén Rodríguez Cardozo ingresó al Durand precisamente en 1993 y llegó al puesto que hoy ocupa luego de la partida de Ana María Di Lonardo en 2006. Como ella misma relata:

Entré al Banco en 1993, apenas terminé el tercer año de mi residencia en bioquímica clínica en el Hospital Udaondo. Trabajé mayormente en la parte de histocompatibilidad, el área más laboriosa desde un punto de vista artesanal. Desde entonces trabajé en todas las áreas y por eso estoy a cargo de la coordinación.³

Para ella, la identificación de chicos desaparecidos no es un trabajo cualquiera:

No solamente existe un compromiso científico de parte nuestra. Creo que si tuviera que enumerar los compromisos, en un orden de prioridad, tendría que decir que hay un compromiso humano, un compromiso moral y un compromiso científico. No es una labor que la pueda realizar cualquier persona porque sí, porque es el único trabajo que tiene para hacer. Se trata de asumir un compromiso difícil, muy complejo, en el cual nos implicamos mucho afectivamente para contener las distintas situaciones. Y a medida que van pasando los años todo se va tornando más crítico, porque las personas van recuperando su identidad más tarde.⁴

En 1992 las Abuelas consiguieron que el Gobierno nacional creara la Comisión Nacional por el Derecho a la Identidad (CONADI), dependiente del Ministerio de Justicia, Seguridad y Derechos Humanos. La CONADI resultaría clave para el desarrollo del BNDG.

La CONADI tiene como objetivos velar por el cumplimiento de los artículos 7, 8 y 11 de la Convención de los Derechos del Niño y, al mismo tiempo, la búsqueda y localización de los niños desaparecidos durante la última dictadura. Entre otras funciones, la Comisión se encarga de soli-

citar documentación a los lugares que intervinieron en la inscripción de los bebés nacidos entre 1975 y 1981 –hoy jóvenes-adultos que dudan sobre su identidad– y, si es necesario, ordena los análisis de sangre en el Hospital Durand⁵.

“Además de toda la labor de la Comisión, se sumó la responsabilidad de asistir al Banco: que les llegaran los recursos, que no les faltaran los reactivos, en síntesis, garantizar que funcionara”, explica Alicia Pierini, por entonces subsecretaria de Derechos Humanos⁶.

El área de asesoramiento genético de la CONADI se puso a trabajar en conjunto con el Banco. En principio comenzó a pedir análisis de sangre mediante oficio, en acuerdo con la Justicia y previa solicitud del joven con dudas sobre su identidad, hasta que en 1998 no necesitó más la previa intervención judicial para solicitar la extracción⁷. Esto agilizó las cosas y posibilitó que se estableciera una dinámica de trabajo más organizada y menos burocrática.

Así, la CONADI se constituyó como otro interlocutor para aquellos chicos con dudas sobre su origen y, por otra parte, se sumó a la misión de completar el BNDG. María Gracia Iglesias, una de las responsables del equipo de genética de la CONADI, explica:

El objetivo es completar los datos del Banco con los familiares cuyos hijos desaparecidos estaban o podrían haber estado esperando un bebé en el momento de su desaparición. Cada joven que se presenta con dudas sobre su identidad, cuyos orígenes biológicos no pudieron ser esclarecidos por la documentación existente, es analizado para obtener su ADN y luego entrecruzarlo con el ADN obtenido de los grupos familiares analizados en el Banco [...] Esto muestra cómo el ADN pasa de ser algo meramente genético, individual, a funcionar como conector entre lo público y lo privado, adquiriendo efectos en situaciones políticas concretas al incluir en la sociedad los jóvenes apropiados que los dictadores habrían intentado dejar afuera.⁸

Gracias al empuje de las Abuelas, de la CONADI y de su personal, el BNDG fue evolucionando durante la década del 90 casi a la par que los

institutos genéticos más importantes del mundo.

En 1994, por ejemplo, ya disponía de STR de plata⁹, mediante los cuales se amplifican secuencias de ADN con pequeñas repeticiones en tandem que no se conservan dentro de la especie. Una vez amplificadas se separan los fragmentos para comprobar el número de repeticiones (mediante electroforesis capilar o en gel), de forma que se pueden distinguir patrones de repeticiones que pueden ser comparables y asociables¹⁰.

Pero el BNDG también padeció carencias. Los reactivos que se importaban desde Europa, si llegaban, eran demasiado caros¹¹. Sin embargo, la articulación de todos los actores involucrados en el tema permitió que siempre se superaran los problemas. Todo esto además se daba en un contexto de avances vertiginosos de la genética a nivel mundial, en el cual, para la eficiencia de los análisis, resultaba indispensable contar con equipamiento de punta y capacitación constante del personal.

En junio de 2000, la empresa Celera, fundada en mayo de 1998 por el científico estadounidense Craig Venter, completaría la primera versión del genoma humano, en un final “cabeza a cabeza” con el Proyecto del Genoma Humano (PGH). Rafael Rancel Aldao, especialista en biotecnología, detalla cómo fue este proceso:

El PGH establecido en 1991 había previsto un plan inicial de quince años (1991-2006) a un costo de 3.000 millones de dólares; Celera invirtió 300 millones a partir de 1998 y produjo sus resultados en dos años. Esto fue posible con el uso de algoritmos y supercomputadoras que podían alinear, ordenar y darle sentido a la información que producía el uso de múltiples secuenciadores automáticos de ADN dispuestos en paralelo. Ese mismo trabajo era hecho en forma mucho más laboriosa por los equipos de investigadores de los otros laboratorios “competidores” de los países participantes en el PGH.¹²

En abril de 2003, a 50 años de la publicación del artículo fundamental de Watson y Crick, finalizaba el secuenciamiento completo del genoma hu-

mano. Belén Rodríguez Cardozo comenta el impacto que tuvo el PGH para la identificación genética:

En 1999 ya teníamos en el Banco el primer prototipo de los que se usaron en el Proyecto, el secuenciador automático por electroforesis capilar, el ABI 310. La automatización precisa los resultados y sobre todo permite utilizar mucho menos ADN, considerando que los familiares ya son grandes, algunos van falleciendo, y van quedando reservas escasas de ADN. La idea es que esto no suceda, pero en el caso de que sí ocurra, existe la posibilidad de la exhumación. Lógicamente, al tratarse de familias que han vivido una tragedia, se intenta no llegar a esta instancia. En 2001 ya teníamos el secuenciador de 16 capilares. Estos prototipos nos permiten analizar, en un mismo evento, un mayor número de cromosomas. Hoy estamos analizando 15 marcadores, que se llaman autosómicos, más un marcador de género, amelogenina, que es importante para determinar si es mujer mujer o varón, ya que a pesar de que en algunas situaciones vemos a la persona que se analiza, en otras lo que hacemos es identificar huesos, restos.¹³

En enero de 2001, la directora del Banco, Ana María Di Lonardo, fue invitada a los Estados Unidos por Applied Biosystems a efectuar un curso superior de secuenciación de ADN. Allí pudo ver funcionar al secuenciador ABI 3100, cuya adquisición incluyó en el plan general de necesidades para el Banco.

Las dos primeras contrataciones para su adquisición salieron en marzo y junio de 2001 y fracasaron por causas ajenas al Banco. “Recién en la carpeta iniciada en septiembre tuvimos éxito pero llegó el equipo a la Aduana de Buenos Aires el 19 de diciembre de 2001, día fatal”, recuerda Di Lonardo¹⁴.

El Banco, las Abuelas y la CONADI realizaron todo tipo de reclamos ante las autoridades del gobierno de la Ciudad y de toda otra institución de cualquiera de los tres poderes que pudiera verse comprometida por la carencia de los servicios que podría prestar la nueva tecnología. Final-

mente, un año y un mes más tarde, lograron que el equipo se incorporara al Banco para comenzar con sus prestaciones.

Belén Rodríguez Cardozo destaca el papel de los nuevos prototipos: “Tienen una velocidad impresionante, y esto en una situación donde los tiempos se tornan críticos, sobre todo porque se busca a una persona, que es como buscar un agujero en un pajar, que ha sido apartada totalmente de su núcleo familiar biológico”¹⁵.



Belén Rodríguez Cardozo, coordinadora técnico-administrativa del Banco Nacional de Datos Genéticos (arriba). Equipo del Hospital Durand (abajo).



13. Testimonios del ADN

Desde su creación, el equipo de genética de la CONADI gestionó la extracción de muestras a 340 familiares. Con ese objetivo, sólo entre 2006 y 2007 tramitó pericias genéticas, vía consular, en España, Israel y Suecia, en todos los casos a personas que no podían viajar a la Argentina, y realizó 20 viajes al interior del país¹. En este sentido, la labor de Abuelas y la CONADI se vio fortalecida en 2003 con la conformación de la Red Nacional por el Derecho a la Identidad.

La Red sirvió para difundir la búsqueda en todo el territorio. Muchos jóvenes con dudas pudieron dar el paso decisivo para conocer su origen presentándose en alguno de los 28 nodos de la Red². Y muchos familiares pudieron ser contactados gracias a la Red y así incorporar su sangre al BNDG. En todos los viajes para extraer muestras hemáticas interviene un técnico del Banco. Daniel Alcázar, extraccionista del Banco, se refiere a estos viajes:

La actividad que más nos preocupa y nos ocupa es completar todos los grupos familiares, porque lo ideal, para comparar jóvenes, es tener la rama materna y paterna. Pero no es sólo tomar una muestra. Los chicos se presentan con toda su ansiedad para ver si son hijos de desaparecidos o no. Los familiares llegan con una carga terrible, porque están tratando de ubicar a sus sobrinos, a sus nietos. Hemos ido a algunos domicilios donde todavía están esperando a que vuelva el hijo. Y eso es muy doloroso. Los primeros viajes los hicimos por la zona nomás. Primero en un auto alqui-

lado y después en una camionetita que puso el Gobierno de la Ciudad, del SAME. En avión viajamos prácticamente a todas las provincias y países limítrofes como Chile, Uruguay y Bolivia. Muchos de los jóvenes que hoy recuperaron su identidad a mí me tocó tomarles muestras.³

Por entonces el equipo de filiación de Abuelas quedó compuesto por Demián Córdoba y María José Lavalle Lemos –quien continúa hasta hoy–, luego de que Mario Vinocur dejara la institución para dedicarse de lleno a la clínica pediátrica, su vocación. Por su parte, Daniel Alcázar ingresó al Servicio de Inmunología del Hospital Durand en 1991 y comenzó con los viajes diez años más tarde, cuando reemplazó a su compañera Marisa Menna.

En 1987 Marisa Menna había viajado a Mar del Plata para tomar la muestra de sangre de una niña de diez años, presuntamente hija de desaparecidos. El 30 de octubre de ese año los estudios genéticos confirmaron que esa niña era, justamente, María José Lavalle Lemos. Daniel Alcázar cuenta que significa compartir su trabajo con María José:

Cuando a ella le preguntan “¿Y vos quién sos?”, y empieza a contar su historia, cómo fue recuperada por sus familiares, a mí me emociona. Me tocó viajar con ella, que fue la primera que conocí, y empecé a ver la otra cara del asunto, porque a medida que uno crece se va poniendo un poco escéptico, pero con esto no, todo lo contrario: “Esto sí vale la pena”, me dije.⁴

A medida que fue sumando millas, Daniel Alcázar también fue viviendo otro tipo de gratificaciones. Él mismo recuerda un viaje a Salta:

Fuimos a una hostería que tenían unos chicos a los que fuimos a tomar muestras. Citamos al resto de la gente ahí, hicimos las extracciones en una habitación que nos dieron, y terminamos como a las cuatro de la tarde. A las cinco y media teníamos que ir a tomar otra muestra, de una parienta de ellos, y en ese lapso queríamos comer algo. “Nosotros ya no tenemos comida, pero te vamos a llevar acá a la otra cuadra así comen”,

nos dijeron. Fuimos a este lugar, el muchacho habló con la gente, comimos y cuando vamos a pagar el mozo nos dice: “No, esto es una invitación de la casa, porque nosotros sabemos la tarea que están realizando ustedes allá y realmente estamos agradecidos con todo esto”.⁵

Para que la prueba genética constituya un elemento de convicción decisivo—en base al cual el juez pueda dictar su sentencia— debe cumplir con los resguardos técnicos que garanticen la confiabilidad de su resultado. A tal fin la extracción de las muestras tiene que efectuarse previa identificación de los intervinientes a través de los respectivos documentos de identidad y medidas adicionales de individualización para que no se produzcan confusiones⁶.

En cada viaje, cuando llega el técnico del Banco, la gente ya está citada en determinado lugar. Cuando se trata de personas con dificultades para moverse, se va al domicilio y se toma la muestra. “Nos ha tocado ir a ranchos y sacar muestras ahí —recuerda Alcázar—. Una vez, en las afueras de Tucumán, hicimos una extracción en una casillita donde al lado había una caída de agua, todas aguas hervidas. Entonces existen ciertos riesgos detrás de esto”⁷.

El perito del BNDG se encarga de extraer la muestra original, el bis de la muestra, y así se logra reunir dos operadores para clausurar la posibilidad de error. Como reaseguro se toman muestras en tarjetas conservadoras de ADN, por si las dos muestras —original y bis— fallan. Por último se saca una foto con una Polaroid, se toman las huellas digitales y quien se realiza la extracción debe firmar un documento por el cual expresa su consentimiento⁸.

Normas similares corren para los jóvenes que se presentan directamente en el Hospital Durand. María Belén Rodríguez Cardozo describe el recorrido de los chicos:

Un chico entra a dar su sangre. La primera etapa es la identificación que nos exige la ley. Se lo recibe, muestra su documento de identidad, se le toma una huella dactilar, dígito pulgar derecha, y una fotografía, y se le

informa que se la va a extraer una muestra de sangre. Concorre al box, se le toma un tubo original, un tubo bis y un papel de FTA que queda en el archivo. Cuando el joven se retira se procede a derivar la muestra a la extracción de ADN. Mitocondrial, nuclear y HLA, se hace todo. Si el joven excluye igual queda comparándose con las familias que se van sumando al Banco. Al día de hoy siguen entrando muestras de familias que no han hecho su denuncia ante la CONADEP. Finalmente se hace el *screening* completo, donde nos aseguramos de todo, y se manda el resultado ya sea al juzgado que lo pidió o a la CONADI.⁹

Los tiempos de los análisis pueden ser variables. Cuando un resultado no es lo suficiente alto para marcar una probabilidad importante ni para excluir, se piden más familiares biológicamente relacionados, o bien, se amplía la cantidad de marcadores genéticos analizados.

Algunos casos son particulares, como el de Horacio Pietragalla Corti. “Duró una semana nada más. Él estaba en el box de extracción y me mostró una foto de un libro de Abuelas y me preguntó ‘¿no soy yo, doctora?’, y era igual, no podía ser otra persona, era él, entonces se apuntó directamente a la familia”, recuerda Belén Rodríguez Cardozo¹⁰.

El momento de la extracción, para un joven con dudas sobre su identidad, conlleva una fuerte carga afectiva. Para contener esta situación el BNDG cuenta con una psicóloga y con todo un equipo interdisciplinario que trata de dar la mayor ayuda posible.

Pese a esto la mayoría de los nietos restituidos coinciden en que sintieron alivio al realizarse los estudios. Manuel Gonçalves Granada fue localizado por sus familiares en 1995 y antes de que se confirmara su identidad biológica ya había establecido una relación con ellos. En 1997 se presentó en el Hospital Durand para hacerse las pericias genéticas. Manuel cuenta lo que sintió:

Yo ya conocía a mi hermano y a mi abuela. De hecho fui con mi hermano a sacarme sangre al Durand, y antes de entrar le dije: “¿Y si no soy?”. Y él me dijo “sos vos, sos vos”, él estaba seguro, tenía información que yo

no tenía, había conocido a mi papá, veía que yo hacía cosas parecidas. Yo también había conocido a mis sobrinitos, a buena parte de la familia, tenía fotos... Para mí, hoy, la verdad es un conjunto de cosas, pero en ese momento quería que me dijeran científicamente quién era. El estudio no tardó mucho tiempo, un mes, algo así, hasta que me leyeron el resultado en la CONADI. El examen había sido positivo. Claudia Carlotto, la directora, me leyó el informe que decía que “la coincidencia fue del 99,9999”. Me dieron una copia y me la llevé. En el informe constaba cómo se habían cruzado las muestras y la información genética que compartía con mi mamá, con mi abuela, con mi papá, con mi hermano. Todo lo que vino después fue más relajado, ya sentía como propio lo que estaba pasando.¹¹

Juan Cabandié Alfonsín, otro joven que recuperó su identidad, tardó un tiempo en hacerse los análisis. Sentía culpa por las consecuencias judiciales que su decisión podía causarle a su apropiadora. Pero habló con su hermana –hija biológica del matrimonio– y ésta le dijo: “Vos no tenés nada que ver con esto, los responsables son ellos, vos tenés la obligación de saber cuál es tu origen, así que hacelo”¹².

Esto convenció a Juan para presentarse en el Hospital Durand: “Fui solo, no quise que me acompañara nadie, en realidad fui tranquilo. ‘Ya di todos los pasos necesarios’, me dije, y así se calmó la angustia. Después vino la ansiedad de esperar el resultado, pero el hecho de sacarme sangre me alivió muchísimo”¹³.

14. Vías alternativas de análisis

Casi todos los jóvenes que recuperaron su identidad a partir de 1997 se acercaron espontáneamente a las Abuelas o la CONADI. Sin embargo, la negativa de algunos a someterse a los análisis genéticos planteó un nuevo desafío a la búsqueda.

Hasta 2003 estuvo claro que los estudios debían ser obligatorios en los casos de chicos apropiados, pero el 30 de septiembre de ese año un fallo de la Corte Suprema de Justicia de la Nación marcó un retroceso en tal sentido. El abogado Luciano Hazan, coordinador del equipo jurídico de Abuelas, comenta la decisión del máximo tribunal:

La situación para la Corte había cambiado porque los jóvenes ya habían dejado de ser niños y habían cumplido la mayoría de edad; junto con el delito, de carácter permanente, que pareció haberse emancipado de la posibilidad de justicia y persecución penal [...] En ese contexto las querrelas y algunos jueces de instrucción han comenzado a recorrer un nuevo camino por el que se pretende conseguir muestras de ADN que permitan realizar entrecruzamientos de quienes son presuntos apropiados con los familiares que los están buscando. Se trata de una nueva metodología que es posible gracias al avance de la biología molecular, que ha permitido que se encuentre material genético de las personas en pelos, saliva, uñas, y todo tipo de flujos corporales. Así, es posible hallar muestras de estos materiales en la casa de cualquier persona si se realiza un allanamiento con una orden judicial.¹

Este nuevo camino, según Hazan, presenta algunas ventajas: menor intromisión en la intimidad que la producida con una extracción de sangre no consentida; la persona ya no es sujeto ni objeto de prueba y sí lo son ciertos objetos personales suyos como un cepillo de dientes, y no se requiere la más mínima colaboración de su parte, por lo cual disminuye la afectación de su integridad psíquica.

Pero también tiene sus desventajas: mientras que con la prueba de sangre no hay dudas respecto a quién es su dueño, en los allanamientos la toma de las muestras y la cadena de custodia se vuelven aspectos más complejos².

El ADN no solamente se encuentra en las células de la sangre sino en cualquier célula del individuo. Piel, uñas, hígado, riñón, cualquier célula contiene la misma información genética que la que se puede analizar a nivel sanguíneo³.

Cuando una persona se cepilla los dientes se descaman células de la mucosa bucal que quedan en el cepillo y con esto se puede hacer un estudio de identidad genética. Si una persona es fumadora en la colilla de los cigarrillos queda ADN. Las uñas también contienen mucha información genética, entonces las uñas cortadas también pueden servir.

El pelo es un elemento más difícil. De hecho en genética forense las estadísticas indican que el nivel de éxito en el caso de análisis de pelo es de alrededor del 30 por ciento, puesto que posee menos material genético y es más complicado de investigar.

Aún así, cualquier material que se recoja en un allanamiento debe ser sometido a procedimientos rigurosos: el ADN no está suelto en una uña o en un cepillo de dientes, sino que debe ser extraído de estos objetos mediante técnicas complejas. Periódicamente las asociaciones internacionales de genética forense publican protocolos y recomendaciones para cada tipo de material⁴.

Pronto esta vía alternativa de extracción demostraría su utilidad para las Abuelas. En 1985 habían recibido varias denuncias que aseguraban que un comerciante de La Plata tenía una nena anotada como propia que podía ser hija de desaparecidos. Cuando el matrimonio fue citado por la

Justicia dio un relato falso sobre el nacimiento de la niña y se opusieron a las pericias científicas. En 1986 se fugaron a Paraguay llevándose a la niña. Rosa Roisinblit, vicepresidente de Abuelas, recuerda bien los hechos:

Hace más de 20 años, cuando nosotras nos enteramos del nacimiento de esta nena, empezamos a investigar a qué familia podía pertenecer. Efectivamente había algunas posibles familias, entonces pedimos a la Justicia que citara al apropiador y que se sacara sangre a la criatura. Pero el apropiador decía que él era el padre biológico. Finalmente cuando la Justicia lo citó de nuevo, el matrimonio se fugó con la niña, y ahí perdimos la pista. Pero seguimos luchando, los años pasaron, hasta que un día cayó la dictadura de Stroessner y ellos regresaron a la Argentina. Poco después los volvimos a localizar.⁵

En un principio la causa fue llevada por la jueza María Isabel Martiarena, titular del Juzgado de Transición N° 3 de La Plata. En mayo de 2000, la magistrada dispuso que se le extrajera sangre a la joven en forma compulsiva, para realizar el examen genético, pero se encontró con la enfática negativa de la muchacha. En septiembre Martiarena volvió a pedir la comparecencia y la joven volvió a negarse.

Cinco años más tarde, con la causa en el fuero federal, la Justicia ordenó efectuar los estudios y una vez más la joven se opuso. Afortunadamente en ese momento ya estaban disponibles las técnicas para extraer material genético de objetos personales.

El juez Arnaldo Corazza, conciente de que la muchacha se negaba a hacerse los análisis para proteger a sus apropiadores, ordenó un allanamiento. En junio de 2006 los resultados confirmaron que Natalia –así se llama la joven– es hija de María Elena Corvalán y Mario Suárez Nelson, ambos desaparecidos en 1977. La propia Natalia detalla cómo llegó a conocer su verdadera identidad:

Más que nada yo quería proteger a los que me criaron, esa es la realidad, yo sabía que no era hija de ellos. Relegué un poco saber yo para que ellos

estén bien, pero yo también sabía que en algún momento me iba a enterar de quién era. Mientras la causa por mi apropiación la tuvo la jueza Martiarena, como me querían hacer el ADN pinchando, yo no quería. Sentía que más que como víctima me estaba tratando como delincuente.⁶

A los malos manejos de la jueza, se sumaron los ocultamientos de su apropiador, que escondía las citaciones para Natalia. Ante la falta de respuestas, la Justicia se presentaba luego por la fuerza. Martiarena llegó a ordenar la detención de Natalia. “La primera vez me mandó a buscar a la facultad, entró ella con dos policías, fue todo un tironeo, me agarraron de un brazo, y me llevó ‘demorada’ tres días, de jueves a domingo”, cuenta la joven⁷.

Al día siguiente la trasladaron al Hospital Durand y allí conoció a Ana María Di Lonardo, quien le causó una “excelente” impresión. Aún así no aceptó sacarse sangre. Luego la condujeron a la asesoría pericial de La Plata, donde estuvo varias horas más, hasta que Martiarena dejó sin efecto la medida, es más, le prometió que no iba “a volver a pasar”, pero cuatro meses más tarde la detuvo nuevamente. Para Natalia fue una tranquilidad que el expediente haya cambiado de fuero:

La jueza Martiarena estuvo muy mal asesorada y se manejó con poco sentido común, si no cómo se explica llevar presa a una víctima. Por el contrario, el juez Corazza es un tipo serio, pude tener un muy buen diálogo con él. Aparte yo ya no tenía la interferencia del hombre que me crió, ya no vivía con él. Corazza me dijo que él algo iba a tener que hacer, y yo le dije que estaba bien pero que no iba a dar mi sangre. Así pasaron uno, dos años, él me llamaba, me hablaba, hizo todo un esfuerzo. Él mismo fue el día del allanamiento, muy respetuoso, de la mejor manera, la Gendarmería y los médicos también, todos muy preparados e informados.⁸

Natalia, quien vivía con su pareja y estaba embarazada, recibió el allanamiento con mucha calma. Los hizo pasar y dejó que se llevaran su cepillo de dientes, un cepillo de pelo y otros objetos personales. Cuando tuvo los informes del BNDG, el juez le comunicó a la joven quiénes habían

sido sus padres y quiénes eran los familiares que la habían buscado durante tanto tiempo. Ella misma relata el encuentro con su familia, que comenzó incluso antes de que estuviera el resultado del ADN:

Con mi tía “Pichú” Suárez Nelson fue con la que me encontré primero, como un año antes de que me dieran el examen, y a la otra parte de la familia la conocí dos días después. Me metí en Internet, busqué la dirección y ahí me di cuenta de que mis abuelos maternos vivían a tres cuadras de mi casa. Entonces pasamos por la casa con mi novio pero no me animé a bajar. Él me llevó otra vez a mi casa y me dijo “ahora vengo, voy a hacer un mandado”. Volvió hasta allá, golpeó la puerta y les dijo: “Natalia quiere venir pero no se anima”. Y mis abuelos, que son muy viejitos, se emocionaron mucho y le dijeron “decile que venga”. Él volvió, no me acuerdo qué me dijo, y me llevó otra vez. Yo no quería bajar, estaba muy nerviosa, pero al final bajamos, me abrazaron, todos muy cálidos, y empezó a venir toda la familia, aparecieron como veinte, porque son un montón, y me mostraron fotos. Después salió el tema de los parecidos, físicamente salí a la familia de mi papá, salí a él y a mi tía Pichú, y según mis abuelos salí muy parecida a mi mamá en el carácter. Mi tío, el hermano de mi mamá, dijo: “Es testaruda como yo, como los Corvalán”.⁹

Natalia, como el resto de los jóvenes que recuperaron su identidad, también sintió alivio: “En un punto quería saber, pero tal vez, al principio, como sentía que era una cosa con violencia, me resistía más. El allanamiento, de alguna forma, es la solución más sana, porque hay que darle una solución al tema, no puede quedar así. Por ahí si me esperaban a mí yo todavía no me había hecho el análisis”¹⁰.

Las Abuelas recibieron con una enorme alegría la restitución de Natalia. Por un lado confirmaron que no hacía falta sacar sangre para obtener al ADN de sus nietos. Y por otro tuvieron la satisfacción de que la joven al fin pudo acercarse. Dos jóvenes más pudieron recuperar su identidad gracias a este método alternativo a la extracción de sangre. Alejandro Sandoval Fontana, en julio de 2006, y más recientemente Evelyn Bauer Pegoraro¹¹.



Natalia Suárez Corvalán embarazada (arriba) y con su hija (abajo).



15. El don de las Abuelas a la ciencia

Desde 1979, cuando las Abuelas leyeron aquella pequeña nota que informaba sobre la posibilidad de establecer paternidad a través de un análisis de sangre, la genética avanzó a pasos acelerados.

Las mismas técnicas desarrolladas por los científicos para identificar a los niños desaparecidos fueron usadas más tarde en países como Bosnia, Croacia, Etiopía y Ruanda para determinar la identidad de individuos muertos por los genocidios ocurridos en esos lugares¹.

Pero, en realidad, la problemática que las Abuelas le plantearon a los investigadores fue lo que dio inicio al desarrollo de las metodologías que se están aplicando en este momento. Víctor Penchaszadeh destaca el impacto del tema de los chicos apropiados a nivel internacional:

La respuesta era de asombro, horror, nadie lo podía creer, no le entraba en la cabeza a nadie que se pudieran cometer tales aberraciones. Durante mi vida en los Estados Unidos me tocó difundir y explicar la saga de Abuelas y los niños apropiados en numerosos foros médicos, científicos y de derechos humanos. No era raro ver expresiones de incredulidad sobre lo que relataba. Y al terminar la exposición era frecuente ver ojos humedecidos por las lágrimas. Varias organizaciones de Estados Unidos colaboraron en instalar el tema en las sociedades científicas. Entre ellas cabe destacar la AAAS, la Academia Norteamericana de Pediatría y la organización Physicians for Human Rights [PHR, Médicos por los Derechos Humanos, de la cual integró su cuerpo directivo]. PHR fue después

el nexa para aplicar la experiencia de Abuelas en El Salvador, luego de los acuerdos de paz. El tema siempre tuvo un peso muy importante.²

Pero el trabajo de las Abuelas no sólo sirvió para situaciones de catástrofe humanitaria. En la actualidad, por ejemplo, todos los hospitales públicos y privados de la provincia de Buenos Aires deben tomar una muestra genética de los recién nacidos y de sus madres, para que puedan ser archivados y garanticen la identidad de las personas y su filiación. El ADN del hijo se incluye en la Ficha Única de Identificación del Recién Nacido, y este conjunto de medidas completa uno de los sistemas más seguros de América latina en materia de identificación³.

En tanto, la investigación sobre el ADN mitocondrial permitió saber dónde estaba enterrado Cristóbal Colón, en Sevilla o en Santo Domingo, algo intrascendente comparado con los problemas que se lograron resolver en la Argentina.

La técnica del ADN mitocondrial también ayudó a determinar que el hombre de Neanderthal no se había cruzado con los ancestros de los humanos actuales. De esta manera, la genética contribuye a entender la historia de los pueblos⁴.

El análisis del cromosoma Y permitió resolver crímenes que no podían determinarse con las otras técnicas; en particular, en agresiones sexuales en las que el semen del sospechoso se encuentra mezclado con células de una víctima mujer.

Pero lo más nuevo es el empleo de los polimorfismos de un solo nucleótido o SNP (Single Nucleotide Polymorphism), que no cambian mucho de una generación a otra, y por eso son muy útiles cuando el material genético está muy degradado. En objetos personales, llaves, tarjetas de crédito, pueden obtenerse perfiles de SNP⁵.

El antropólogo forense Clyde Snow, quien desde la década del 80 trabajó en la identificación de cadáveres y obtención de pruebas de violaciones a los derechos humanos en más de 18 países, expresa su agradecimiento a las Abuelas:

La ciencia forense no se había utilizado en el trabajo a favor de los derechos humanos. La verdad es que todo empezó en la Argentina. Y las Abuelas fueron de gran utilidad en el desarrollo de la idea. Personalmente, tuve el privilegio de reclutar a jóvenes en la Argentina, de crear un equipo y tener la satisfacción de hacer algo valioso. Eso me llevó a un nuevo ámbito de trabajo y me abrió todo un nuevo mundo. Si las Abuelas no hubieran asistido a mi charla en La Plata y no me hubiesen hecho esa pregunta, habría vuelto a casa y todo habría quedado ahí.⁶

Hoy el grupo de jóvenes que fue entrenado por Clyde Snow, el EAAF, impulsa la Iniciativa Latinoamericana para la Identificación de Personas Desaparecidas, cuyo objetivo es llegar a establecer la identidad de 600 cuerpos rescatados de cementerios de todo el país enterrados como NN y de otros cuerpos que siguen apareciendo.

En dos meses de campaña (al cierre de este libro), el EAAF recolectó 1.800 muestras de familiares, un número casi igual a las 2.000 que juntaron en los últimos nueve años. Así, muchos casos que estaban prácticamente resueltos por investigación pero que requerían la muestra de sangre y su comparación, están dando curso a nuevas identificaciones de desaparecidos⁷.

Víctor Penchaszadeh, quien, como él mismo define, ha cumplido un rol de “nexo, consejería y apoyo” en la problemática de los chicos desaparecidos, también expresa su gratitud hacia las Abuelas:

Es gracias al trabajo de los genetistas en este tema que se ha podido educar a la sociedad y desmitificar el sentido profundo que tienen las similitudes y las variaciones genéticas de los seres humanos. Esta es otra influencia positiva que ha tenido el trabajo de Abuelas en este campo de defensa de la dignidad humana. Por otra parte, la genética como disciplina se ha beneficiado de la interacción con otras disciplinas como la psicología y el derecho. De esta manera, se ha contribuido a una visión integral y multidimensional del ser humano, tanto en su individualidad como en sus relaciones familiares y sociales [...] Un último aspecto merece comen-

tario. Si bien la identificación es un campo para la ciencia, la aceptación de los resultados de los análisis y las acciones consiguientes son un terreno de lucha político, legal y social. [...] El corolario es que no basta con producir datos científicos válidos. Además, hay que luchar para que estos resultados sean respetados y la Justicia obre en consecuencia, restituyendo la identidad de los jóvenes, liberándolos de las relaciones perversas en manos de sus apropiadores y restituyéndolos a sus familias legítimas.⁸

En efecto, las Abuelas, con la lucidez que siempre las caracterizó, fueron logrando la promulgación de diferentes leyes sobre el derecho a la identidad, al mismo tiempo que se desarrollaban las técnicas para la identificación de personas.

Con este criterio de adecuación entre avances científicos y legislación, las Abuelas siguen trabajando para mejorar la ley que rige el funcionamiento del BNDG. Esta fue la razón por la cual en mayo de 2006 el abogado Ramón Torres Molina fue designado al frente del Banco, cargo que ocupó hasta el nombramiento como coordinadora de Belén Rodríguez Cardozo.

En la búsqueda de sus nietos, las Abuelas consiguieron ligar a la ciencia con los derechos humanos, lo que demuestra que no existe edad para llegar a niveles de formación e información de nivel superior.

En ocasiones la identificación a través del ADN fue confundida como una práctica orientada a tomar la vida en su pura forma biológica, como si lo único que estuviera en juego fuera la identidad biológica reconocible en la información genética. Resulta una severa confusión ubicar el problema de la restitución –y la política filiatoria que ella comporta– en el interior de esa lógica.

Según los psicólogos Haydée Montesano y Carlos Gutiérrez, ambos especialistas en ética y derechos humanos, el fuerte peso que hoy comporta el ADN no justifica alimentar la confusión “que gusta reemplazar la identificación (operación eminentemente singular) por la idea de identidad genética”⁹. Y añaden:

Precisamente porque esa confusión es moneda corriente, resulta imprescindible ubicar al dato genético en su justo lugar: es la huella que el robo no ha podido borrar (aunque no sea la única). Es aquello que el cuerpo conserva de una historia que se pretendió borrar y que aún persiste en el recuerdo. Pero, ¿dónde? ¿En qué lugar persiste en recordar? ¿Acaso en las células? No, aunque esto contradiga alguna obviedad. Persiste especialmente en aquellos (las Abuelas, los familiares), que sostienen esa historia con su búsqueda empujados por el amor filial y alojan ese dato en una forma de tradición y de herencia que no es biológica sino humana, es decir, histórica. [...] Por todo ello, si bien en la prueba genética se trata de material biológico, éste no es más que el término que, en su lazo con otros, da lugar a uno de los acontecimientos que funda humanidad: la filiación. De este modo, se pasa del dato genético a la expresión que señala “sangre de mi sangre” como metáfora deseante que rompe con la universalización construida por la legitimidad biológica.¹⁰

Ahora bien, uno de los más crueles legados de la última dictadura fue su casi inverosímil violencia contra el sagrado derecho a la identidad. Como escribió el periodista y escritor Tomás Eloy Martínez: “Miles de seres humanos fueron, de pronto, un solo no ser, sin lugar, sin nombre, sin existencia, sin destino. O fueron dos y tres personas a la vez, como centenares de hijos de desaparecidos”¹¹.

En este sentido, las Abuelas comprendieron desde el principio que la genética no solamente restituye la identidad de un individuo, sino que lo conecta con su historia familiar y social. En palabras de la bióloga Rita Arditti:

Las Abuelas han aportado un modelo para el trabajo conjunto de legos y científicos que pone en tela de juicio la alienación del *establishment* científico y hace posible imaginar una relación diferente entre ciencia y sociedad. Han contribuido a redimir a la ciencia al proponerle un nuevo tipo de asociación. El don que las Abuelas le ofrecieron a la ciencia es en rea-

lidad un don al mundo, a todos aquellos que desean una ciencia que incorpore los valores humanos y sea una fuerza positiva y afirmadora de la vida.¹²

Todavía falta restituir la identidad de más de 400 jóvenes desaparecidos, pero a esto se suma la situación de sus hijos –los bisnietos de las Abuelas–, quienes, mientras sus padres sigan sin conocer su origen, verán violado su derecho a la identidad. El delito de apropiación no cesará hasta que todos recuperen sus verdaderas identidades.

Por eso, si bien cuando se creó el BNDG se dispuso que las muestras de los familiares quedaran guardadas hasta el año 2050, porque se estima que ese será el promedio de vida de los niños secuestrados, el trabajo institucional de las Abuelas ya apunta hacia una nueva generación, la de los bisnietos.

Lo más probable es que el Banco exista mientras exista un solo nieto desaparecido, porque el nieto puede llegar a la edad de la muerte, pero va a quedar su hijo, y el hijo de su hijo, que cuando se enteren de que sus padres o abuelos fueron víctimas de la desaparición también van a querer saber.

Las Abuelas, con la humildad de las mujeres luchadoras, dan las gracias a todos los médicos, genetistas y antropólogos que las acompañaron en su larga y penosa búsqueda. Como dice Estela Carlotto:

Gracias a los análisis de ADN estamos restituyendo la identidad de nuestros nietos y bisnietos. Y éste es el agradecimiento más grande que tenemos para dar a estos científicos que nos han apoyado, que nos han ayudado y que han ido incorporando todos sus conocimientos para que nosotras, en los pocos años que nos van quedando, podamos decir un día que hemos recuperado a muchos de nuestros nietos.¹³

Epílogo

Por Estela Barnes de Carlotto*

La determinación del vínculo biológico entre las personas es una preocupación desde tiempos lejanos. Nosotras, las Abuelas, conocimos esa preocupación de un modo trágico cuando desaparecieron a nuestros hijos e hijas y con ellos a nuestros nietos. No sabíamos qué hacer, cómo actuar, ante quién reclamar. Pero pronto salimos de la parálisis inicial y empezamos a buscar, a golpear puertas, a preguntar. Y todo esto en medio del silencio y del terror que imponía la dictadura. No fue fácil. Tuvimos miedo. Aún así nos mantuvimos juntas, tomadas de los brazos como nos ven siempre en las marchas, y seguimos adelante.

Con esa firmeza y esa seguridad que nos daba –y nos sigue dando– estar juntas, nos enfrentamos a todos los interrogantes y desafíos que se nos fueron presentando, entre ellos la identificación de nuestros nietos. A la par del trabajo de investigación y de difusión que hacíamos nosotras, y de los abogados, psicólogos y demás profesionales que se acercaron a colaborar con nuestra lucha, iniciamos los contactos con médicos y científicos para que nos ayudaran en la búsqueda de los hijos de nuestros hijos.

Así visitamos muchos países, hasta que en los Estados Unidos encontramos a genetistas argentinos exiliados, como Víctor Penchaszadeh, y tantos otros, que nos recibieron con los brazos abiertos. Y la ciencia genética nos dio una respuesta. Y nosotras, mujeres comunes, generamos esa respuesta. Por un lado fue sin querer, casi sin darnos cuenta, puesto que nos vimos arrojadas a esa situación de preguntar, de golpear puertas, de buscar, a raíz del crimen más terrible que se puede padecer: la desapari-

ción de un hijo, de una hija, de un nieto. Pero por otro lado generamos esa respuesta de la ciencia, y lo hicimos en base al sentido común y a la creatividad que las mujeres solemos demostrar cuando tenemos que pelear por nuestras familias.

Al principio la ayuda de los científicos fue impagable, porque teníamos que conseguir los reactivos para hacer los análisis de ADN y entonces grupos de médicos de los Estados Unidos y otros nos conseguían los insumos, ya en etapas constitucionales, siempre había algún viajero amigo que nos los mandaba. Seguimos trabajando y pidiendo a las autoridades del momento que la creación de un Banco Nacional de Datos Genéticos. Y efectivamente en el año 1987 se promulgó la ley que creó el Banco, que ya cumplía funciones desde 1984. Todos aquellos que buscábamos a nuestros nietos, que no los conocíamos en muchos casos, porque habían nacido en cautiverio, dejamos nuestras muestras de sangre para que se conservaran hasta el año 2050. Así pudimos ir recuperando a los nietos que hoy ya son hombres y mujeres adultos.

Hasta hoy hemos recuperado 89 nietos que, a su vez, tienen hijos. La falta de identidad se está transfiriendo a otra generación. Por eso la prisa por hallarlos. Además, ya no tenemos tiempo para esperar. A pesar de la fidelidad que puedan sentir hacia quienes los criaron, que nadie la negará, ellos tienen derecho a saber quiénes son. Y las Abuelas tenemos el derecho a encontrarlos. Y la sociedad en su conjunto tiene –y se debe– ese derecho. Entendemos que los nietos no lo son sólo de las Abuelas, son de todo el país. Son desaparecidos vivos que esperan su libertad.

Las Abuelas también somos abuelas, con minúsculas. Como dice nuestra amiga Mary-Claire King en un pasaje de este libro, tendríamos que estar disfrutando de nuestros nietos y bisnietos. Tejer una bufanda, contar un cuento, compartir la mesa con ellos, todo eso deseáramos hacer. Transmitir, enseñar, narrar, dar mucho amor, cosas que hacen las abuelas. La historia que se cuenta en estas páginas –y todo nuestro trabajo de más de 30 años– es nuestra forma de expresar todo el amor que sentimos por nuestros nietos, nuestra forma de contarles las experiencias que fuimos viviendo, los amigos y amigas que fuimos haciendo en el camino

—el ADN es uno de ellos—, y que así, siempre juntas, siempre en la búsqueda, seguiremos hasta el final.

La moraleja, la enseñanza que les queremos dejar con este libro, es la nuestra y no otra. Preguntarse, preguntar, confiar en las preguntas, como nosotras confiamos cuando recién empezamos a barajar la posibilidad de usar la sangre para demostrar la “abuelidad”, cuando visitábamos prestigiosos centros médicos de diversas partes del mundo y nos decían que no se podía, que eso era imposible. Los más grandes descubrimientos de la ciencia arrancaron con una pregunta. Nuestra búsqueda también. Y la búsqueda de los más de 400 nietos que todavía viven con su identidad cambiada también habrá empezado o empezará así, con una pregunta, la pregunta por la identidad.

En todo este tiempo aprendimos que la pregunta por la identidad es la pregunta más íntima que un ser humano se puede hacer, y que por eso mismo muchos pueden sentir una terrible soledad cuando esa pregunta aparece. No hay que tener miedo. El enorme dolor, la angustia de no conocer la propia identidad, sólo se puede curar con la verdad. Todo lo que viene después es alivio y serenidad.

**Presidenta de de la Asociación Abuelas de Plaza de Mayo*

Banco Nacional de Datos Genéticos: la identificación de los jóvenes desaparecidos en la Argentina (2008)

Por María Belén Rodríguez Cardozo (coordinadora técnico-administrativa del Banco Nacional de Datos Genéticos).

INTRODUCCIÓN

Desde la sanción de la ley 23.511 y de su decreto reglamentario 700/89 que crea al Banco Nacional de Datos Genéticos, este grupo interdisciplinario trabaja para poder otorgarle a la Justicia las respuestas que necesita en identificación humana.

Desde su creación a la fecha ha podido incorporar todas las técnicas científicas y ha podido darle a sus profesionales la capacitación necesaria para cumplir con absoluta idoneidad un artículo básico de la ley que lo crea que dice: “El Banco Nacional de Datos Genéticos intervendrá para todo conflicto relativo a la filiación”, es decir que toda persona que dude de su identidad podrá solicitar la intervención de esta institución.

Fueron muchos los avances científicos mundiales en todas las técnicas de identificación de personas así como también todas las herramientas informáticas volcadas a estas pericias desde el año 1987 a la fecha y esto nos ha permitido dar progresivamente una respuesta en lo que se refiere a Probabilidad de Parentalidad, Paternidad, Maternidad Hermandad, etc., más informativa y en menor tiempo de análisis.

PRUEBAS IDENTIFICATORIAS DE ADN EN LA ADMINISTRACIÓN DE JUSTICIA

Actos de investigación y actos de prueba

Es preciso distinguir ambos actos que siendo próximos tienen contornos bien definidos y autónomos:

- Investigación: descubrimiento y comprobación de hechos que sirven tanto a la acusación como a la defensa.
- Prueba: pretende lograr la convicción del juez sobre la veracidad de hechos sustentados por las partes y se encamina a la pérdida de la presunción de inocencia.

Bancos de datos genéticos

Se designa así al *archivo sistemático de material genético o muestras biológicas de determinados grupos de población para ser analizadas en particulares circunstancias*.

Se pueden dividir en varias categorías dependiendo del grupo de personas que abarquen:

- 1- Población general.
- 2- Profesiones de riesgo.
- 3- De interés judicial:
 - a) Personas desaparecidas.
 - b) Criminales: convictos, sospechosos, víctimas, indicios obtenidos del lugar de los hechos pertenecientes a personas no identificadas.

Identificación humana y medicina legal

La identificación en medicina legal tiene consecuencias inmediatas sobre el individuo.

- La investigación médico-forense lo identifica y lo relaciona con sucesos que forman parte de una investigación criminal que puede acarrearle consecuencias sociales difícilmente reparables. Este componente social no debe ser olvidado desde la medicina legal y forense.
- El contexto se caracteriza por la existencia de un daño individual (víctima y entorno) y de un daño social por lo que la *no resolución* del caso desencadenará consecuencias importantes en el plano individual y en el social.

–Estas consecuencias constituyen la base de problemas ético-legales con relación a la prueba del ADN en la investigación criminal.

Marcadores genéticos y filiación

Deben darse *condiciones previas al empleo* de un sistema:

- 1- La transmisión genética del sistema debe ser bien conocida
- 2- Los determinantes genéticos deben estar bien desarrollados al nacimiento y permanecer constantes durante toda la vida.
- 3- La identificación de los antígenos o de los genes deberá ser realizada con métodos *fiabes y reproductibles*.

Características de MHC - HLA y ADN

- Ambas investigaciones ya no pertenecen al campo experimental.
- Los métodos para su investigación son controlables, seguros y reproductibles.
- Existen tablas de frecuencias de antígenos y de genes según los grupos poblacionales y el lugar geográfico de la investigación.

Características del ADN

- Permite su utilización para el estudio de evidencias tales como: manchas, fluidos, cabellos, restos cadavéricos, etc.
- Las técnicas de amplificación (PCR) permiten acceder a pequeñas cantidades de material genómico aunque éste se encuentre parcialmente degradado.
- El *locus* del ADN investigado debe estar revalidado por estudios familiares que demuestren que ese *locus* cumple con las leyes de Mendel y que muestra una baja frecuencia de mutaciones.

Indicaciones para la utilización mandatoria de la prueba de ADN

A- Materia Civil:

- 1)- Filiaciones entre generaciones discontinuas o tríos convencionales madre-padre legal o alegado-hijo, o bien, padre alegado o legal e hijo.
- 2)- Reconstrucción de datos genéticos de personas fallecidas.
- 3)- Estudios de filiación durante la gestación materna.
- 4)- Paternidad o maternidad biológica discutida entre consanguíneos.

B- Materia Penal:

- 1)- Determinar la identidad de una persona fallecida.
- 2)- Examen de evidencias para la dilucidación de delitos: homicidios, lesiones, violación, etc.
- 3)- Sustituciones dolosas o culposas de niños recién nacidos.
- 4)- Identificación de restos cadavéricos.

Áreas del Banco Nacional de Datos Genéticos (BNDG)

–Dirección

–Áreas de Laboratorio de Biología Molecular:

- a) ADN mitocondrial (muestras no cadavéricas)
- b) ADN nuclear (muestras no cadavéricas)
 - 1) ADN autosómico (VNTRs: LTRs y STRs)
 - 2) Cromosoma sexuales X e Y (STRs)
 - b1) ADN nuclear y mitocondrial Forense (muestras cadavéricas)

–Área Legal

–Área de Preparación de Materiales

–Área Administrativo Contable

–Área de Archivo y Bases de Datos

BREVE DESCRIPCIÓN DE LAS CARACTERÍSTICAS DEL ADN

El ADN (ácido desoxirribonucleico) es la molécula portadora de la información genética en la célula. Su estructura consiste en una hélice formada por una doble cadena en la que los eslabones son unidades químicas denominadas *nucleótidos*. Los nucleótidos están constituidos por tres componentes: un azúcar, un fosfato y una base nitrogenada. Existen cuatro nucleótidos distintos que se diferencian en la base que portan: A (adenina), C (citosina), G (guanina) o T (timina). Por tanto, puede decirse que el alfabeto del ADN está compuesto por cuatro letras cuya combinación a lo largo de la molécula puede dar lugar a infinidad de secuencias distintas. El orden o secuencia en que se disponen los diferentes

nucleótidos a lo largo de la cadena determina la información genética.

En la estructura de doble hélice del ADN (descrita por primera vez por Watson y Crick en 1953), las dos cadenas permanecen unidas mediante un proceso conocido como *hibridización*. En esa doble cadena hay unas reglas fijas de complementariedad: la A de una cadena siempre se aparea con la T en la cadena complementaria (mediante dos puentes de hidrógeno) y la C siempre se aparea con la G (mediante tres puentes de hidrógeno). Esto permite que conociendo la secuencia de una de las cadenas pueda deducirse la de la cadena complementaria. La hibridación es una propiedad fundamental del ADN en su estado natural en la célula. Sin embargo, los puentes de hidrógeno que mantienen unidas las dos cadenas pueden romperse mediante aumento de la temperatura o tratamiento químico, proceso denominado desnaturalización.

Un procedimiento común para desnaturalizar la doble cadena de ADN es calentarlo a temperaturas cercanas al punto de ebullición o bien exponerlo a agentes químicos desnaturalizantes, como la urea o la formamida.

La desnaturalización es un proceso reversible: si un fragmento de ADN se calienta se separarán sus dos cadenas, pero si se disminuye la temperatura, las cadenas de ADN encontrarán a su complementaria y se unirán mediante un proceso llamado *renaturalización*.

Material genético y hereditario

En una célula humana, el ADN se localiza principalmente en el núcleo, aunque también existe una pequeña cantidad de ADN en las mitocondrias, que son los organelas celulares encargados de la producción de energía. El *ADN nuclear* mide aproximadamente dos metros de longitud en su totalidad, pero se encuentra muy compactado en los cromosomas, que son unas estructuras muy densas formadas por ADN y proteínas.

El genoma humano nuclear consiste en 22 pares de cromosomas *autosómicos* y un par de cromosomas sexuales, X e Y, cuya combinación determina el sexo femenino (XX) o masculino (XY). En conjunto, cada célula somática contiene 46 cromosomas. La mayor parte de los análisis de identificación genética humana se realizan por el estudio de los cromosomas autosómicos, y la determinación del sexo se lleva a cabo con algunos marcadores localizados en los cromosomas

sexuales. No obstante, el análisis del *ADN mitocondrial* y de otros marcadores polimórficos presentes en los cromosomas sexuales (principalmente en el cromosoma Y) está ganando un creciente interés debido a sus especiales particularidades que abordaremos más adelante.

En todas las células somáticas del cuerpo, el ADN se encuentra en estado *diploide*, o sea que existen dos ejemplares de cada cromosoma. Sin embargo, en las células germinales (como consecuencia de la *meiosis* en la gametogénesis) el ADN está en estado *haploide*, es decir, el óvulo y el espermatozoide contienen una única dotación de cada uno de los cromosomas. Cuando ambos gametos se combinan durante la fecundación, el cigoto originado vuelve a ser diploide y el individuo resultante (formado por multitud de células somáticas genéticamente idénticas originadas como consecuencia de la mitosis) habrá heredado un 50% de la información genética del padre y el otro 50% de la madre.

Estructura del Genoma Humano

El genoma humano está constituido por unos 3.000 millones de *pares de bases*. Sólo el 2% del ADN humano es codificante. El 98% restante constituye el ADN no codificante al que se le atribuye, entre otras funciones desconocidas, la estructural y reguladora. Es en este ADN donde se concentra la mayor parte de la variabilidad genética entre individuos, ya que sus mutaciones no están sometidas a una selección tan fuerte como las que ocurren en el ADN codificante, que pueden tener importantes consecuencias fenotípicas. Casi la mitad del ADN no codificante está constituido por ADN repetitivo, entre el que cabe destacar las *secuencias repetidas en tándem* (que describimos en detalle más adelante), constituidas por una secuencia determinada que se repite consecutivamente una detrás de la otra *un número variable de veces*. Atendiendo al tamaño de la unidad de repetición, estas secuencias se denominan *satélites* (unidad de repetición: 1.000-10.000 nucleótidos), *minisatélites* (unidad de repetición: 7-100 nucleótidos) o *microsatélites* (cuya unidad de repetición contiene de 2 a 6 nucleótidos).

La posición que ocupa una determinada secuencia de ADN en el cromosoma se denomina *locus*. En una célula humana cada locus se encuentra por duplicado, uno en el cromosoma de origen paterno y el otro en el cromosoma de origen materno. A cada una de las distintas formas alternativas que ocupan un locus

(que aunque muy similares entre ellas presentan alguna diferencia) se le denomina *alelo*. Cuando un individuo presenta en el locus paterno un alelo distinto al presente en el locus materno, se dice que es *heterocigoto* para ese locus, mientras que si ha heredado de ambos progenitores el mismo alelo, será *homocigoto*.

A la caracterización de los alelos presentes en un determinado locus se le denomina *genotipo*. Un *perfil genético* es la combinación de los genotipos obtenidos para múltiples *loci*. En el caso del ADN que sólo está presente en estado haploide y que, por tanto, todos sus loci se heredan siempre de forma conjunta (por ejemplo, el cromosoma Y –de herencia paterna– o el ADN mitocondrial –de herencia materna–, a esta combinación de genotipos se le denomina *haplotipo*.

Marcadores genéticos de interés forense

Dentro de la pequeña proporción de ADN distintivo existen regiones hipervariables o polimórficas que son las que nos permiten usar la información genética con fines de identificación. Es importante reseñar que, como se comentó anteriormente, la variabilidad genética entre individuos se concentra principalmente en el ADN no codificante y que, por tanto, de un análisis de individualización genética con fines forenses no puede extraerse ningún tipo de información sobre características fenotípicas (rasgos físicos, susceptibilidad a enfermedades o fármacos, etc.).

Existen dos tipos de *polimorfismos*: a) *de secuencia*, por el que los alelos de un mismo locus se diferencian en la base (A, C, G o T) presente en una o más posiciones concretas; b) *de longitud*, los alelos de un locus se diferencian entre ellos por el número total de bases que lo componen. El polimorfismo de longitud es muy común en las secuencias repetidas en tándem, en las que el número total de unidades de repetición definen a cada alelo.

Las regiones de ADN nuclear con mayor interés en genética forense son los minisatélites o *VNTRs* (*Variable Number of Tandem Repeats*) y los microsátélites o *STRs* (*Short Tandem Repeats*). A cada uno de estos *loci* o segmentos de ADN polimórfico se le denomina *marcador genético*. La principal diferencia entre ambos tipos de marcadores reside en la longitud total del segmento de ADN que, a su vez, viene determinada por el número de nucleótidos de la unidad de repetición que lo componen. El tamaño total de un marcador VNTR oscila entre 500 y 10.000 nu-

cleótidos, mientras que el de un STR varía entre 100 y 500 nucleótidos. Los diferentes alelos de un marcador VNTR o STR se distinguen por su tamaño que, en definitiva, viene dado por el número total de repeticiones en tándem.

MÉTODOS PARA EL ANÁLISIS DE POLIMORFISMOS GENÉTICOS DE INTERÉS FORENSE

El ADN nuclear está presente en todas las células del cuerpo humano (excepto en los eritrocitos, que carecen de núcleo), por lo que es posible extraerlo a partir de cualquier material biológico: sangre, saliva, semen, pelos con raíz, huesos, tejidos, etc., así como de cualquier vestigio que pueda contener algún resto biológico (colilla de cigarrillo, sello de sobres, chicle, cepillo de dientes, ropa usada). La selección de las muestras a analizar, la toma de muestra, almacenamiento, identificación, conservación, custodia y transporte hasta el laboratorio son factores de *vital trascendencia* en cualquier análisis de ADN (cadena de custodia).

En el laboratorio se procede a la extracción del ADN a partir de la muestra a analizar, siendo necesario ajustar el método de extracción a las particularidades de la muestra en cuestión. Tras la cuantificación de la cantidad de ADN presente en el extracto se procede a su individualización, que puede llevarse a cabo principalmente mediante los métodos moleculares descritos a continuación.

Estudios periciales: metodologías

I. Técnicas Inmunoserológicas

- a) Aglutinación-elución: antígenos eritrocitarios (ABO, Rh-Hr, MNSs, P, Kell, Kidd y Duffy)
- b) Microlinfocitotoxicidad-doble fluorocromasia: antígenos HLA Clase I
- c) Microlinfocitotoxicidad: antígenos HLA Clase II

II. Técnicas de Biología Molecular

1- Genoma Nuclear: ADN codificante

- a) PCR-SSP y PCR-SSO (baja, media y alta resolución)
Genes MHC Clases I y II

- b) PCR-SSOP (high resolution) Genes MHC Clases I y II
- 2- *Genoma Nuclear: ADN no codificante (VNTRs)*
- a) Sin amplificación: SLPs: Locus D7S21, D7S22, D12S11, D16S309, D4S163 y D2S44
 - b) PCR-Ampli FLP: Locus D1S80
 - c) PCR-STRs: Locus CSF1PO, D3S1358, TPOX, FGA, TH01, D8S1179, vWA, D21S11, D16S539, D7S820, D13S317, D18S51, D5S818, Amelogenina
 - d) Cromosoma Y PCR-STRs: Locus DYS393, DYS19, DYS389 II, DYS390, DYS391, DYS385, DYS438, DYS439, DYS436, DYS434, DYS435, DYS437, GATA A7.2, GATA A7.1, GATA A4, GATA A10, GATA C4, GATA H4
 - e) Cromosoma X
- 3- *Genoma Mitocondrial: Secuenciación de región D-Loop, segmentos hipervariables HV1 y HV2*

Mecanismo de ingreso de muestras

- 1) Área de extracciones (sangre, hisopado bucal)
- 2) Área de extracción de ADN
- 3) Ingreso de la muestra de ADN a tres áreas en forma simultánea:
 - ADN mitocondrial
 - ADN nuclear
 - Área de histocompatibilidad

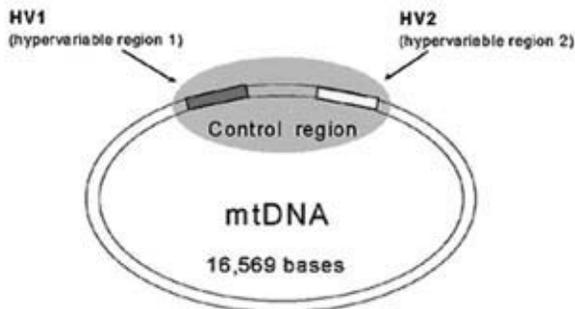
Estudio del polimorfismo del ADN mitocondrial regiones hipervariables HVI y HVII. Características.

- Es ADN circular, cerrado y de doble cadena lo que le da mayor estabilidad.
- Mide 16.569 bp y fue secuenciado en su totalidad por Anderson en 1981.
- El ADN mitocondrial significa menos del 1% del ADN nuclear.
- Todas las copias del ADN mitocondrial (con esto nos referimos a la secuencia o encadenamiento de nucleótidos obtenido en sangre periférica) son exactamente iguales al obtenido en folículos pilosos o en restos óseos o en piezas dentarias o en cualquier otro tejido o fluido biológico del mismo individuo excepto cuando existe heteroplasmia. Es el estado en el cual un individuo presenta *más de un genotipo* de ADN mitocondrial (tema sobre el que se puede pro-

fundizar en cualquier libro de biología molecular).

–Tasa de mutación elevada esto se debe a que el ADN mitocondrial esta sometido en la matriz mitocondrial a una gran cantidad de radicales libres, durante su replicación permanece mucho tiempo como simple cadena y porque no tiene la capacidad de reparar los cambios (mutaciones) como sucede en el ADN nuclear.

–Es usado ampliamente en casos donde las evidencias biológicas pueden *ser degradadas o encontrarse en pequeña cantidad*. Los casos en los cuales el cabello, huesos, o dientes *son únicas pruebas recuperadas* de una escena de crimen en particular son muestras de elección para el análisis por mitocondrial. Los casos de desaparecidos pueden beneficiarse de pruebas de ADN mitocondrial cuando los restos esqueletomizados son recuperados y comparados con muestras de los grupos familiares reclamantes de rama materna. También el cabello recuperado en escenas de crimen a menudo puede ser usado para incluir o excluir a individuos presuntamente imputados de un delito a través de este análisis de ADN mitocondrial.



Método de análisis

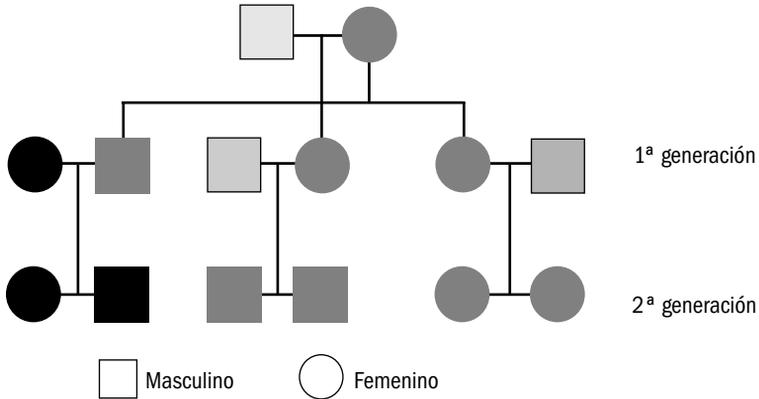
La reacción en cadena de polimerasa es usada para obtener un número mayor de copias de las regiones específicas de interés en el ADN nuclear o mitocondrial de acuerdo a cual sea nuestro método de análisis. Para el estudio del ADN mitocondrial sólo las regiones hipervariables HV1 y II son amplificadas del material extraído de la célula entera. Con cada ciclo de la reacción, la cantidad de ADN obtenida se duplica.

nida aumenta exponencialmente. Después de 30-40 ciclos, billones de copias de la región mencionada son obtenidas para ser posteriormente sometidas a la reacción de secuenciación para esta técnica en particular que denominamos *secuenciación del ADN mitocondrial*.

Mecanismo de herencia

El mecanismo de herencia es uniparental materna, es decir que todos los miembros de la misma rama materna *comparten exactamente el mismo encadenamiento de nucleótidos*. Lo vemos más claramente en un ejemplo (ver figura 1):

Figura 1: Herencia uniparental materna.



Resultado final del estudio pericial para la metodología descripta

Se informa de la siguiente manera si los individuos de rama materna comparten *idénticas secuencias* con el o la joven cuya identidad se está investigando el estudio presenta la siguiente conclusión: “No es posible excluir el vínculo biológico materno filial por compartir el grupo familiar analizado *identidad de secuencias* con el titular cuya identidad se investiga”.



Figura 2: Resultado obtenido luego de la electroforesis capilar (electroferograma de ADN mitocondrial).

1ATCA**C**AGGT CTATCAC**C**CT ATTA**A**CCACT CACGGGAGCT CTCCATGCAT
 ATCTCAGGTCTATCAC**C**CT AT**C**AAC**C**ACT CACGGGAGCT CTCCATGCAT

ATCTCAGGTCTATCAC**C**CT AT**C**AAC**C**ACT CACGGGAGCT CCCCATGCAT

TT**GG**TATTT Secuencia de Anderson
 TT**CC**TATTT Titular (Joven a comparar)
 TT**CC**TATTT Familiar materno alegado

61 CGTCTGGGGG **G**TATGCACGC GATAGCATTG CGAGACGCTG

CGTCTGGGGG **C**TATGCACGC GATAGCATTG CGAGACGCTG

CGTCTGGGGG **C**TATGCACGC GATAGCATTG CGAGACGCTG

GAGCCGG**A**GC ACCCTATGTC Secuencia de Anderson
 GAGCCGG**A**CC ACCCTATGTC Titular (Joven a comparar)
 GAGCCGG**A**CC ACCCTATGTC Familiar materno alegado

Figura 3

El FBI y otros laboratorios han colaborado para compilar una base de datos de ADN mitocondrial que contiene las secuencias de regiones hipervariables I y II. La base de datos se menciona como el SWGDAM. La misma contiene secuencias de los cuatro grupos étnicos: caucásicos, africanos, hispanos y asiáticos. La mayor parte de estas muestras han sido obtenidas de laboratorios que trabajan en estudios de paternidad, bancos de sangre, o grupos académicos que estudian poblaciones étnicas. La base de datos actualmente contiene un importante número de secuencias de individuos no relacionados.

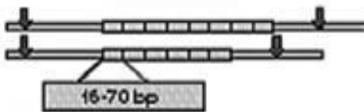
El FBI no proporciona las estimaciones de frecuencia de ADN mitocondrial debido a que al día de hoy la base de datos no está completa por las restricciones en el número de haplotipos tipificados, por lo tanto lo que se podría informar sería sólo el *número de las ocurrencias de una secuencia* en la base de datos consultada. Hasta el momento, el número de haplotipos totales existentes al presente en la población general es desconocido porque no todas las secuencias aún han sido observadas.

Estudio del polimorfismo del ADN nuclear (marcadores autosómicos)

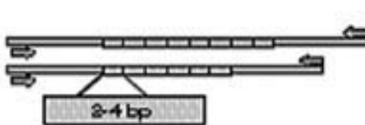
Con fines de identificación humana es importante disponer de marcadores de ADN que exhiban una alta variación entre individuos y que en conjunto permitan discriminar entre ellos. Los primeros polimorfismos utilizados en genética forense fueron los polimorfismos de longitud en el ADN minisatélite que se identificaron como RFLPs (polimorfismos basados en la longitud de los fragmentos de restricción). Para su detección se utilizó el método de Southern en los primeros tiempos con sondas multilocus (sondas que detectan en forma simultánea distintos loci minisatélites bajo condiciones de hibridización de escasa rigurosidad y generando patrones de bandas múltiples, de este modo Jeffreys y Col en 1985 llevan a cabo la aplicación del análisis del polimorfismo del ADN minisatélite en el campo de la genética forense obteniendo perfiles altamente específicos para cada individuo a lo que llamaron *DNA-Fingerprinting*. Pero con el fin de lograr una mejor resolución se comienzan a utilizar las sondas Unilocus (SLPs). Las mismas detectan bajo condiciones rigurosas de hibridización patrones de bandas más fácilmente interpretables.



VNTR (Número Variable de Repeticiones en Tándem)



LTR (Larga Repetición en Tándem) "minisatélite"



STR (Corta Repetición en Tándem) "microsatélite"

↓ Sitio de Restricción ⇒ Primer PCR

Figura 4: RFLP (polimorfismo de tamaño de fragmentos de restricción).

Con el advenimiento de la PCR (reacción en cadena de la polimerasa), primero para técnicas del complejo mayor de histocompatibilidad, luego para el análisis de *loci* pequeños como por ejemplo el D1S8o –se suma a esto la automatización–, se desarrollan métodos de análisis de STRs o microsatélites que presentan la ventaja de su pequeño tamaño frente a los VNTRs o minisatélites, lo cual facilita el análisis de muestras degradadas. Al mismo tiempo, al ser menor el rango de tamaño de los alelos se facilita la posibilidad de reacciones multiplex.

STR o microsatélites. Características.

- *Son regiones de ADN repetitivo* que se encuentran repartidas a lo largo del todo el genoma encontrándose un microsatélite por cada 5.000 -10.000 pb y están compuestos por secuencias de 2 a 7 pb que se repiten en tándem.
- Los alelos pueden ser fácilmente clasificados en función del *número de repeticiones que contienen* y no de su peso molecular facilitando así la estimación de su frecuencia poblacional.

Método de análisis

- *Sistemas de electroforesis manual:* fueron las primeras tecnologías desarrolladas y aún se utilizan. Los productos de amplificación son separados según su tamaño en geles de electroforesis de azarosa o poliacrilamida y posteriormente revelados por tinción con nitrato de plata.
- *Sistemas de electroforesis automática:* surge como consecuencia de la automatización que marca una importante avance en las técnicas moleculares. Ventajas: mayor facilidad y rapidez; una gran sensibilidad y precisión en la lectura de las muestras, y la posibilidad de reproductibilidad de resultados que con técnicas manuales no era posible realizar.

Resultados del estudio pericial

Los resultados evidenciados en el electroferograma (alelos obtenidos para cada *loci* autosómico analizados) son incorporados en el árbol familiar del grupo a analizar y el del titular (joven que reclama su identidad) se transcribe en su hoja de trabajo particular para cada individuo a comparar.

Se cargan estos alelos obtenidos para cada uno de los individuos en el progra-

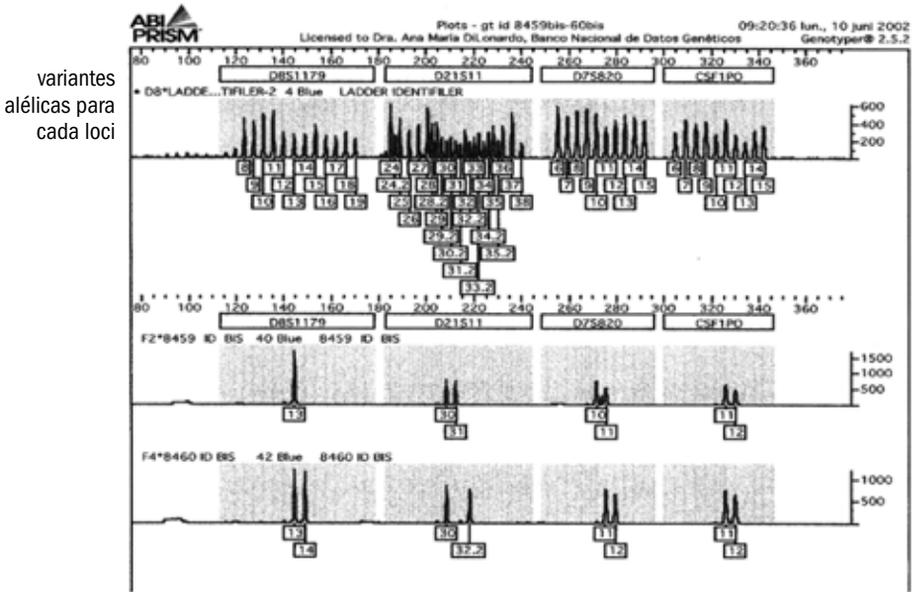


Figura 5: Visualización de resultados. Electroferograma para 4 locis genéticos autónomos.

ma de cálculo matemático estadístico y se procede a calcular en el caso que hubiera individuos de ambas ramas (materna-paterna) el índice y *probabilidad de parentabilidad*; si estuviera desconocida o ausente la rama paterna se procede a calcular la *probabilidad de paternidad* y si la que estuviera ausente fuera la paterna se calcula el índice y probabilidad de maternidad (citamos aquellos cálculos que se realizan con mayor frecuencia en los estudios periciales solicitados).

Debe tenerse en cuenta que si ambos marcadores genéticos (estudio del polimorfismo del ADN mitocondrial, segmentos HVI y HVII) no excluyen el vínculo biológico materno, y a esto se incorpora la *no exclusión* por marcadores autosómicos, se comienzan a incorporar los demás marcadores genéticos, dado que existiría una presunción de que el individuo reclamante podría pertenecer al grupo familiar con el que se realizó las comparaciones descriptas, a fin de llegar al resultado final en el menor tiempo posible.

Un marcador de sexo: amelogenina

La amelogenina es un locus localizado en una región homóloga de los cromosomas sexuales. Existe una diferencia de 6 pares de bases entre el tamaño del alelo presente en el cromosoma X y el Y, que se debe a una pequeña *delección (pérdida de material genético)* en el cromosoma X. El resultado de la amplificación por PCR de este locus en un ADN femenino (XX) será de una única banda (de 106 pares de bases) mientras que si el ADN es masculino (XY), el resultado serán dos bandas de distinto tamaño (106 y 112 pares de bases comúnmente).

Estudio del haplotipo de cromosoma Y

El cromosoma Y presenta una diferencia importante respecto al resto de cromosomas, su herencia es exclusivamente paterna, es decir, se transmite de padres a hijos varones sin que exista la posibilidad de recombinación. Por tanto, la información genética contenida en el mismo se hereda como *haplotipo*, o sea, los genotipos para cada uno de los marcadores del cromosoma Y se transmiten en bloque y no de forma independiente. De esta forma, salvo posibles mutaciones, todos los individuos varones emparentados por vía paterna comparten el mismo haplotipo para el cromosoma Y.

En los últimos años, el análisis de marcadores del cromosoma Y se ha extendido en los estudios de evolución humana para trazar linajes paternos. En genética forense resulta de especial utilidad en los casos de agresión sexual. En estos es común encontrar evidencias donde existe una mezcla de células femeninas de la víctima y masculinas del agresor.

Los marcadores del cromosoma Y aumentan las posibilidades de detectar pequeñas cantidades de ADN masculino presentes en una evidencia en la que predomina el perfil genético femenino, el cual, en otro tipo de análisis (STRs autosómicos, por ejemplo), enmascararía la obtención de resultados a partir del ADN masculino (por el desbalance de concentraciones de uno y otro explicado más arriba). Estos marcadores han demostrado también su utilidad en casos de mezclas complejas y en estudios de filiación cuando los individuos implicados son varones.

Polimorfismos de un solo nucleótido (SNPs)

A la variación entre individuos en una localización puntual del genoma se le

denomina *polimorfismo de un solo nucleótido* o SNP (*single nucleotide polymorphism*). Se estima que en el genoma humano existe un SNP cada 1.000 pares de bases y en la actualidad se han descrito más de dos millones, por lo que el análisis de SNPs promete jugar un importante papel en la diferenciación entre individuos en el futuro.

Los SNPs tienen un especial interés en genética forense por varias razones:

- No presentan el fenómeno de bandas *stutter* (*artefactos técnicos que pueden confundirse con una variante alélica*), por lo que permitirían discriminar más fácilmente si una muestra es de origen único o es una mezcla.
- Presentan un mayor potencial que los STRs para el desarrollo de sistemas multiplex.
- El procesado de la muestra y el análisis de los datos es susceptible de una alta automatización.
- Los productos de PCR para el análisis de SNPs pueden ser menores de 100 pares de bases, por lo que son especialmente apropiados para el análisis de muestras degradadas.

Los SNPs son marcadores bialélicos, es decir, sólo existen dos alelos posibles para cada locus, determinados por la presencia de una base u otra en esa posición. Por tanto, para conseguir un alto poder de discriminación se requiere el análisis de un mayor número de marcadores. Se ha estimado que se necesitaría analizar unos 25-45 SNPs para alcanzar probabilidades de coincidencia al azar similares a la de la batería de los 13 STRs del CODIS.

En los últimos años y aún actualmente, se están desarrollando nuevas tecnologías para la miniaturización y automatización de este tipo de análisis basadas en ensayos con *microchips* de ADN que permiten el análisis simultáneo de miles de SNPs.

VALORACIÓN ESTADÍSTICA DE LA PRUEBA DE ADN

Una vez obtenidos los resultados de individualización mediante la aplicación de la tecnología del ADN, éstos carecen de valor sin una valoración estadística apropiada.

En la mayoría de estos casos, la prueba del ADN sólo tiene sentido si es posible una comparación de perfiles de un vestigio frente a una muestra indubitada o entre diferentes vestigios. Cuando se trata de investigar un resto biológico puede pertenecer a un determinado individuo o al donante de otros vestigios, es necesario realizar un cotejo de los perfiles genéticos obtenidos. Si los perfiles son distintos, puede asegurarse que ese resto biológico no pertenece al individuo en cuestión o que ambos vestigios proceden de personas diferentes. Pero si existe una coincidencia entre los perfiles comparados es necesario hacer una valoración estadística para estimar el grado de incertidumbre de que esos perfiles coincidan entre sí sólo por cuestiones de azar y no porque procedan del mismo individuo. Para ello se requiere disponer de datos fiables sobre las frecuencias de los alelos presentes en la población de referencia, las cuales se estimarán mediante la realización de estudios poblacionales basados en el análisis de numerosos individuos no relacionados.

Para estimar el valor de la prueba es necesario considerar (al menos) dos hipótesis alternativas para su ocurrencia. La prueba debe evaluarse calculando su probabilidad bajo cada una de las hipótesis. Por ejemplo, se detecta una mancha de semen en la prenda de una víctima de agresión sexual. El perfil genético del semen coincide con el del sospechoso.

Es necesario establecer dos hipótesis alternativas, que en este caso serían:

– H_0 : el semen pertenece al sospechoso;

– H_1 : el semen pertenece a un individuo al azar de la población.

A continuación se procede a calcular la probabilidad de obtener ese perfil genético para el semen bajo la hipótesis H_0 , y bajo la hipótesis H_1 . La valoración más correcta consiste en, mediante la aplicación del teorema de Bayes, calcular la razón de verosimilitud o LR (*Likelihood Ratio*) que es el cociente entre ambas probabilidades. El resultado obtenido refleja cuántas veces la coincidencia de perfiles es más probable si consideramos la hipótesis H_0 (o sea, que el semen pertenezca al sospechoso) que si consideramos la hipótesis H_1 (que el semen pertenezca a un individuo al azar de la población).

Un elemento importante en la comparación de perfiles genéticos con fines de investigación criminal o en casos de identificación reside en la creación de bases de datos de ADN.

CAPACITACIÓN Y COMPROMISO

En todas aquellas pericias donde se busca identificar a un joven que realiza su denuncia, ya sea ante la Justicia Federal así como también ante la Comisión Nacional por el Derecho a la Identidad (CONADI) referido a delitos por lesa humanidad, se opera de la siguiente forma:

- Se procede a su *identificación por huella dígito pulgar derecha*, y se procede a tomar a continuación una *muestra hemática*, que es la muestra de elección para el BNDG.
- La muestra ingresará para su análisis en todas las áreas que integran al BNDG al mismo tiempo: Investigación del Polimorfismo del ADN Mitocondrial segmentos HVI y II, Investigación del Polimorfismo del ADN Nuclear STRs, Investigación del Haplotipo de Cromosoma Y, y actualmente ya está en uso la investigación del Cromosoma X, y a esto se suma el primer marcador utilizado en filiación que es la investigación del Complejo Mayor de Histocompatibilidad, que sigue siendo una herramienta valiosísima para la exclusión de vínculos biológicos alegados.
- El método de análisis y comparación preliminar es el estudio del ADN mitocondrial (herencia uniparental materna) y se procede a comparar con todos aquellos grupos familiares que poseen miembros de dicha rama formando parte de la base de datos del BNDG. A través de este estudio se concluye que “no se permite excluir el alegado vínculo biológico alegado”, se investigan los demás sistemas correspondientes a los marcadores STRs (herencia materna-paterna), HLA (herencia codominante), y a esto se sumaría la Investigación del Haplotipo de Cromosoma Y si el individuo a investigar es varón y si se cuenta en la base de datos de familiares con individuos varones que puedan aportar dicha información.

A la fecha el BNDG está realizando para su publicación la base de datos del Cromosoma X, un marcador que se sumará a los anteriormente mencionados y que es sumamente importante en aquellos casos que la persona a identificar es mujer para poder así compararla a través de un marcador robusto con las ramas paternas que integran nuestras bases de datos, o bien, también se puede utilizar si no hay miembros varones de la rama paterna y la persona a identificar es varón

para poder comparar a través del Cromosoma X, ya que no se contaría con el haplotipo de Cromosoma Y.

Por lo expuesto resulta importante resaltar que una pericia que denominamos *compleja*, como es la búsqueda de un joven secuestrado o nacido bajo el cautiverio de sus padres, se realiza *utilizando y sumando la mayor cantidad de marcadores posibles*. ¿Por qué? Porque no solamente nos encontramos con ambos vínculos *dubitados* sino que a esto se suma que también muchas familias están integradas por pocos individuos vinculados biológicamente, ya sea porque han fallecido y han sido cremados, en otros casos tienen varios familiares desaparecidos, o también se desconoce algunas de las dos ramas, es decir que sólo se cuenta con la paterna o sólo con la materna. Además de todas las técnicas descriptas se cuenta con la formación continua del personal interdisciplinario abocado a esta tarea así como también los sistemas informáticos de cálculo matemático-estadístico de probabilidad de vínculo biológico sumamente optimizados desde 1996 a la fecha.

Si la pericia debiera realizarse con restos óseos debemos tener en cuenta que partimos de material degradado y que los tiempos de procesamiento en algunos casos resultan ser un poco más largos. Los marcadores genéticos utilizados son los mismos y en la mayoría de los casos se logra obtener el perfil genético completo, salvo excepciones en las que el material remitido esté altamente degradado, aunque aún así se cuenta con protocolos internacionales que permiten optimizar para lograr obtener la totalidad de información.

En el caso de otras muestras que son analizadas a *requerimiento judicial*, como ser cepillos de dientes, máquinas de afeitar, prendas diversas, los marcadores investigados son los mismos que los descriptos para la muestra hemática, pero cambia su procesamiento en lo que se refiere a la extracción de ADN. En nuestro caso particular el Banco tiene un 100% optimizada la aplicación de estas muestras en identificación humana.

Es de fundamental importancia sumar la mayor cantidad de marcadores posibles y contar con toda la tecnología necesaria para realizarlas. *Todos los individuos tienen derecho a su identidad* y por tanto deben contar con centro periciales adecuados al ejercicio de esta disciplina que es la genética forense. Todo el equipo que integra el BNDG tiene un importante compromiso humano, ético, moral y científico.

Es nuestra convicción que no estamos en esta función por casualidad sino porque estamos comprometidos con lo que hacemos. Nuestro deseo de todos los días es que alguien recupere su identidad con nosotros, ya sea a través de filiaciones particulares o judiciales, o bien que la recuperen alguno de los jóvenes nacidos bajo el cautiverio de sus padres o bien secuestrado junto a ellos.

Esperamos que toda nuestra capacitación y compromiso con la identidad logre reunir a cada joven con su familia biológica.

Este es nuestro deseo de todos los días.

Banco Nacional de Datos Genéticos: la identificación de los niños desaparecidos en la Argentina (1987)

Por Jorge Luis Berra (coordinador del Equipo de Filiación de Abuelas de Plaza de Mayo hasta 1989).

RESUMEN

Se han identificado once niños desaparecidos durante la Dictadura Militar de 1976-1983, a través de la investigación de los marcadores genéticos de grupos sanguíneos, histocompatibilidad, enzimas eritrocitarias y proteínas séricas. Se describen dichos sistemas genéticos, y otros en desarrollo, y el análisis estadístico que permite elaborar, en forma similar a la determinación de la paternidad, el índice de abuelismo.

La ley nacional 23.511, originada e impulsada por Abuelas de Plaza de Mayo, dispone la creación de un Banco Nacional de Datos Genéticos (BNDG) de Familiares de Niños Desaparecidos, el cual conservará por lo menos hasta el 2050 la información que asegure el futuro en la identificación de estos niños.

INTRODUCCIÓN

Entre los años 1975 y 1983 en Argentina, cientos de niños fueron secuestrados con sus padres o nacieron durante el cautiverio de sus madres en campos de

secretos de detención y fueron entregados a personas o familias generalmente conectadas con los cuerpos de represión. Como ha sido demostrado por la Comisión Investigadora creada por el gobierno democrático para investigar las violaciones de los derechos humanos ocurridas en dicho período, esta monstruosidad fue fruto de un plan deliberado, orgánico y sistemático puesto en ejecución por la Dictadura Militar para aterrorizar a la población y lograr sus objetivos. En general los padres de estos niños continúan desaparecidos.

En 1977, un grupo de abuelas que buscaban a sus nietos se reunió con el fin de peticionar juntas surgiendo así lo que actualmente es la Asociación Abuelas de Plaza De Mayo, un organismo de derechos humanos reconocido mundialmente por trabajar para la localización y la restitución de los Niños Desaparecidos a sus legítimas familias.

Hasta ahora Abuelas de Plaza de Mayo ha recibido denuncias referidas a 255 niños desaparecidos, de los cuales 71 fueron secuestrados y 131 nacieron en cautiverio. Se estima en 500 el total de Niños Desaparecidos por motivos políticos.

Cuarenta y cinco niños han sido hallados como resultado de una angustiante búsqueda sin descanso por parte de Abuelas sumada al apoyo del pueblo de Argentina. Cinco de los niños localizados habían muerto, cuatro de ellos asesinados por las Fuerzas Armadas y uno murió abandonado en un hospital.

Tres niños llevan sus verdaderos nombres, conocen su procedencia y su historia y mantienen relaciones con su grupo familiar de origen, luego de un acuerdo entre las familias, continúan viviendo con la familia de crianza. Veintidós niños han sido restituidos, siete de ellos por orden judicial.

La metodología de la restitución se adecuó a las circunstancias de cada caso concreto, contando con el apoyo de un equipo multidisciplinario compuesto por médicos, psicólogos, abogados, etc. No hubo ningún niño que sufriera descompensación psíquica, ni en el momento de la restitución ni posteriormente. En todos los casos la restitución fue un hecho beneficioso y terapéutico para el niño, gozando todos ellos de buena salud. En ninguno de estos casos fue preciso volver a una situación previa a la restitución. Diferentes jueces en todo el país se han inclinado por la restitución de niños desaparecidos a sus legítimas familias, aún en los casos de aquellos que no se encontraban en manos de personas vinculadas al aparato represivo. Los casos de siete niños de los que se conoce cuál es su fami-

lia de origen están bajo consideración de la justicia. Los apropiadores de seis de los niños se dieron a la fuga con ellos cuando los jueces iban a tomar medidas decisivas para los menores.

La necesidad de contar con un método seguro par probar la identidad de estos niños, del cual muchas veces no se conocía siquiera el sexo, fue evidente desde el comienzo de la búsqueda. Por tal motivo las Abuelas de Plaza de Mayo visitaron universidades, hospitales, planteándose también el tema en eventos científicos.

En este trabajo presentaremos los adelantos científicos de las últimas décadas que hicieron posible primero la demostración de la paternidad y luego la identificación de los niños desaparecidos. Estudiaremos los diferentes sistemas genéticos usados habitualmente, el método del análisis bioestadístico y el concepto de abuelismo. Asimismo se presentan los aspectos relacionados con el Banco Nacional de Datos Genéticos de Familiares de Niños Desaparecidos.

UTILIDAD DEL ESTUDIO DE FILIACIÓN

La investigación de la filiación permite resolver múltiples situaciones que comprometen la salud y/o los derechos de los niños:

- a) Conocimiento de quién es el padre, con el consiguiente compromiso moral y económico por parte del mismo, en los casos de hijos de madres solteras. Implicará un compromiso efectivo de parte del varón que antes no existía dada la imposibilidad de determinar la paternidad.
- b) Cambios de los niños en sus *nurserys*.
- c) Robo de los niños vinculado con el tráfico y comercio de los niños, flagelo de todo el mundo y en especial en Latinoamérica.
- d) Identificación de los niños desaparecidos por razones políticas, fenómeno que se dio en forma sistemática en nuestro país aunque también se ha denunciado esta atrocidad en Chile, México, Perú y Centroamérica. También existen situaciones similares planteadas en Alemania durante la Segunda Guerra Mundial y en Australia con comunidades aborígenes en el período 1883-1969.

El tema de la paternidad en nuestra sociedad moderna es todavía importante sólo porque aún continuamos distinguiendo entre niños legítimos e ilegítimos,

con la consiguiente discriminación social y legal. A través de todo el mundo la demanda de niños ilegítimos por medidas de igualdad está encontrando ecos favorables. También es reconocido el derecho de los niños a conocer la identidad de sus padres y a recibir de ellos el correspondiente apoyo.

Desde un punto de vista utilitario, los Estados han tomado conciencia de la necesidad de que los padres biológicos se hagan cargo de la manutención de los niños ilegítimos, permitiendo así distribuir en otras áreas los fondos de apoyo económico.

LAS BASES GENÉTICAS

Se conoce desde principios de siglo que la sangre exhibe características particulares que pueden ser clasificadas en grupos.

Estas características son transmitidas de una generación a otra de acuerdo a reconocidas leyes genéticas. De esta forma la comparación de las características de la sangre con la de su madre y la de un hombre particular puede mostrar que dicho hombre no puede ser el padre. Sin embargo, los tests también pueden proveer evidencias de paternidad. Ellos mostrarán qué características genéticas el niño debe haber heredado de su padre, permitiendo entonces que esto sea relacionado con la proporción de hombres de la población con la necesaria combinación de esos genes. Si un largo número de características individuales son encontradas en común entre el niño y el padre putativo, esto constituye una fuerte indicación de paternidad.

El desarrollo en el campo de los análisis de sangre ha progresado a diferente ritmo en Europa y en Estados Unidos y ha sido influenciado en gran medida por los progresos técnicos y por las actitudes de la sociedad y el sistema legal imperante.

Tradicionalmente el argumento usado en contra de los reclamos de un niño ilegítimo por sus derechos ha sido la dificultad en asegurar la paternidad con un cierto grado de certeza. Popularmente se afirmaba que cabía certeza de la maternidad pero no de quién era el padre.

También desde comienzos de siglo, con los descubrimientos de los grupos sanguíneos se concluyó, a través de estas investigaciones, que se podía descartar

a los falsos padres pero nunca demostrar el nexo biológico. Pero los avances logrados en la investigación de los marcadores genéticos permiten decir con verdad que este problema se ha solucionado.

La base biológica de los estudios de filiación parte de que muchos rasgos externos pueden modificarse con el paso del tiempo (rasgos faciales, color de ojos, color de pelo, etc.), mientras que tanto los genes de los niños como los de sus verdaderos familiares se mantienen inalterables. De esta forma las propias personas involucradas llevan en su interior la evidencia, positiva o negativa, del nexo biológico.

En los núcleos de la célula humana existen 46 cromosomas, aportados 23 por la madre y 23 por el padre. El gen es un segmento de ADN del cromosoma que es reconocido por su función específica. El conjunto de los genes de un individuo se llama genotipo.

Cada mitad parental del genotipo se llama haplotipo, ya sea materna o paterna.

Los alelos son las formas alternativas de un mismo gen. Los alelos, o marcadores genéticos, se presentan con distintas frecuencias en cada grupo étnico.

Según su forma de expresión, los genes pueden ser dominantes, recesivos o codominantes. A partir de dicho balance se conformará el genotipo del individuo.

Las condiciones que debe cumplir un sistema de marcadores genéticos para ser usado en la investigación de la filiación son:

- 1) Patrón de herencia conocido y estricto.
- 2) Fenotipos fácilmente detectables a través de técnicas confiables correctamente clasificadas.
- 3) La expresión del rasgo genético no es modificada por la edad, agentes ambientales, enfermedades y/u otros genes.
- 4) Frecuencia baja de cada alelo en la población general a fin de que un hombre tomado al azar difícilmente lo posea.

Los genes determinantes de los distintos sistemas estudiados, se encuentran ampliamente dispersos por los 23 pares de cromosomas, conociéndose en forma exacta ubicación cromosómica de algunos de ellos.

En la tabla N° 1 se muestra la ubicación de los diferentes cromosomas de los sistemas genéticos más habitualmente usados.

Grupos sanguíneos	
ABO (A, A1, B)	Cromosoma 9
Rh (D, C, c, E, e)	Cromosoma 1
M, N, S, s	Cromosoma 4
K, K, Kp ^a , Kp ^b	
JK ^a , JK ^b	Cromosoma 7
Fy ^a , Fy ^b	Cromosoma 1
Lu ^a , Lu ^b	Cromosoma 4
PI	
Xg ^a	Cromosoma X
Le ^a , Le ^b	
Ch/Rg	Cromosoma 6
Asignamiento provisional	
Enzimas eritrocitarias	
Glucosa 6 phosphate dedrogenase	Cromosoma X
6 phosphoglucomutase dehydrogenase	Cromosoma 1
Phosphoglucomutase 1 y 2	Cromosoma 1-4
Acid phosphatase	Cromosoma 2
Adenylate kinase	Cromosoma 9
Adenosine deaminase	Cromosoma 20
Urdine monophosphate kinase	Cromosoma 1
Eatrerase D	Cromosoma 13
Proteínas séricas	
Haptoglobin	Cromosoma 16
Transferrin	
Group specific component	
C3	
Gm	Cromosoma 11
Km	
HLA	
HLA-A; HLA-B; HLA-C; HLA-D;	Cromosoma 6
HLA-DR; HLA-DO; HLA-DP	

Tabla N° 1: Ubicación cromosómica de marcadores genéticos usados habitualmente en la determinación de la paternidad.

SISTEMAS GENÉTICOS

Para el estudio de la filiación se investigan en la actualidad, entre otros, los marcadores genéticos de los sistemas de grupos sanguíneos, histocompatibilidad, proteínas séricas y enzimas eritrocitarias.

I) GRUPOS SANGUÍNEOS

Fueron los primeros en ser descubiertos. Los antígenos de los grupos sanguíneos (GS) se hallan en la superficie de los glóbulos rojos y sus correspondientes anticuerpos se encuentran formando parte del plasma.

Han sido descubiertos por lo menos 200 antígenos, correspondiendo el 75 por ciento de ellos a 21 sistemas bien definidos genéticamente.

Presentan un bajo número de alelos por lo que son útiles para excluir falsos nexos biológicos.

Usualmente para su determinación se utilizan técnicas de aglutinación, inhibición, absorción, alusión y aglutinación mixta. Se presentan los datos referidos a algunos sistemas de grupos sanguíneos en la tabla N° 2.

Grupo sanguíneo	Descubrimiento	Frecuencia de alelos nulos	Alelos raros	Poder de exclusión
ABO	1901 Landsteiner	0	A ₃ , A, Aend. Am, Ay, Ael, B ₁ , B ₃ , Bx, Bm, Bel	18.5%
Rh	1940 Landsteiner y Werner	0.0006/0.0008	Go ^a , Rh33. Evans, Rh35 y otros	31.2%
Kell C.	1946 Race	0.0022/0	Kp ^a / Kp ^b , Js ^a / Js ^b	5.3%
Kidd	1951	0.0004/0.0049	U ^a , Wk ^a / Wk ^b , Ko	17.7%
Duffy	1960	0.0044/0.0049		18.1%
MNSs	1927 (MN) Landsteiner y Levine 1947 (Ss) Spanger-Race	0.0001/0.0015	Mg, MK, Me, Su, U	31.6%

SISTEMA HLA

Los antígenos de histocompatibilidad fueron descubiertos por Dausset en 1952 y motivaron a que en 1980 se le otorgara, junto con otros colaboradores (Gorer y Snell), el premio Nobel de Medicina.

Estos antígenos son heredados en bloque estando codificados por los Genes del Complejo Mayor de Histocompatibilidad que se encuentran en el brazo corto del 6° par de cromosomas. Forman también dicho complejo otros marcadores genéticos que son de gran utilidad en el estudio de la filiación.

El sistema HLA presenta varios lugares o *loci* (HLA A – B – C – D – DR – DP – DQ) que puede ser cubierto cada uno de ellos por gran cantidad de alelos. En el último Workshop de HLA se reconocieron más de 100 alelos diferentes. Tabla N° 3.

HLA-A	HLA-B	HLA-C	HLA-DR	HLA-D	HLA-DQ	HLA-DP
A1	B5	Cw1	DR1	Dw1	DQw1	DPw1
A2	B7	Cw2	DR2	Dw2	DQw2	DPw2
A3	B8	Cw3	DR3	Dw3	DQw3	DPw3
A9	B12	Cw4	DR4	Dw4		DPw4
A10	B13	Cw5	DR5	Dw5		DPw5
A11	B14	Cw6	DRw6	Dw6		DPw6
Aw19	B15	Cw7	DR7	Dw7		
A23 (9)	B16	Cw8	DRw8	Dw8		
A24 (9)	B17		DRw9	Dw9		
A25 (10)	B18		DRw10	Dw10		
A28	B21		DRw11 (5)	Dw11 (w7)		
A29 (w19)	Bw22		DR12 (5)	Dw12		
A30 (w19)	B27			Dw13		
A31 (w19)	B35		DRw13 (w6)	Dw14		
A32 (w19)	B37		DR14 (w6)	Dw15		
Aw33 (w19)	B38 (16)			Dw16		
Aw34 (10)	B39 (16)			Dw17 (w7)		
Aw36	B40			Dw18 (w6)		
Aw43	Bw41			Dw19 (w6)		
Aw 66 (10)	Bw42					

Aw68 (28)	B44 (12)					
Aw69 (28)	B45 (12)					
	Bw46					
	Bw47					
	Bw48					
	Bw49 (21)					
	Bw50 (21)					
	B51 (5)					
	Bw52 (5)					
	Bw53					
	Bw54 (w22)					
	Bw55 (w22)					
	Bw56 (22)					
	Bw57 (17)					
	Bw58 (17)					
	Bw59					
	Bw60 (40)					
	Bw61 (40)					
	Bw62 (15)					
	Bw63 (15)					
	Bw64 (14)					
	Bw65 (14)					
	Bw67					
	Bw70					
	Bw71 (w70)					
	Bw72 (w70)					
	Bw73					

Tabla N° 3: Alelos del sistema HLA según el Workshop 1984. Se señala entre paréntesis la ubicación previa de algunos antígenos.

El fenotipo está formado por dos haplotipos provenientes de cada progenitor (Fig. 1).

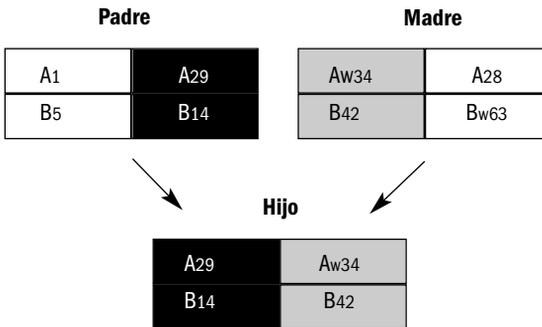


Figura 1: Composición del genotipo de un niño hipotético a través de la transmisión de los haplotipos paterno y materno.

Las características más importantes del sistema HLA son las siguientes:

- 1) Se transmiten siguiendo las leyes de Mendel.
- 2) Es un sistema multialélico que permite gran cantidad de combinaciones.
- 3) Los alelos son siempre codominantes, por lo cual se expresan en la descendencia tanto los maternos como los paternos.
- 4) Están en el feto, expresándose completamente desde el nacimiento y manteniéndose constantes y estables durante toda la vida.

Con técnicas adecuadas ha sido posible estudiar los antígenos HLA de momias esquimales y americanas.

Los anticuerpos que se utilizan para definir el sistema provienen fundamentalmente de mujeres multiparas, de politransfundidos, de pacientes transplantados y de voluntarios sensibilizados específicamente.

La importancia del sistema HLA está en su actuación en el reconocimiento de lo no propio marcando la identidad del individuo, siendo su utilización más conocida en el campo de los trasplantes de órganos y tejidos. Por todas las características descritas, sus usos se han extendido a la determinación de la filiación.

El tremendo polimorfismo de HLA-A-B-C y la baja frecuencia de los fenotipos son las razones de la extrema utilidad de este sistema en los problemas de paternidad.

Están en investigación las asociaciones de ciertas enfermedades con determinados haplotipos HLA (por ejemplo: enfermedades insulino dependientes, artritis reumatoidea, esclerosis múltiple, narcolepsia).

SITUACIONES ESPECIALES

- a. **Tablas de frecuencia:** es necesario el uso de las mismas debido a los fenómenos denominados “Frecuencia de asociación de antígenos” y “desequilibrio de enlace o ligamento”. Por el primero observamos que la frecuencia HLA varía de un grupo a otro. El segundo está originado en que los genes de la región HLA están íntimamente ligados y ciertas combinaciones de antígenos tienden a estar sobre el mismo haplotipo de individuos tomados al azar de un grupo étnico determinado con mayor frecuencia de lo que sería esperar si se multiplicara la frecuencia del gen de los antígenos individuales. Existen tablas de frecuencia para casi todos los grupos raciales.
- b. **CrossOver:** se denomina así al intercambio de información genética entre pares de cromátides por fractura de la misma durante la meiosis (Fig. 2). Este caso es el único en el cual los antígenos HLA del haplotipo no son heredados en bloque. Este fenotipo, fácilmente detectable por personal entrenado, ocurre en menos del uno por ciento entre los *locus* A y B.

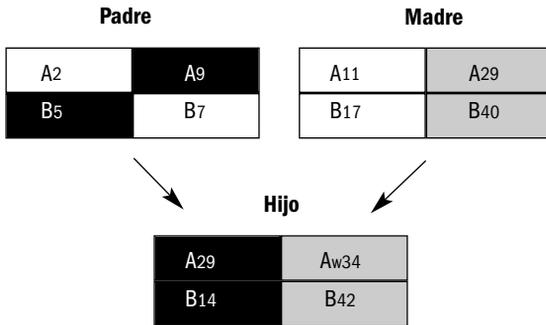


Figura 2: Ejemplo de CrossOver paterno.

- c. **Aparición de blancos:** en esta circunstancia no aparece uno de los antígenos detectables en el *locus*. Indica homocigocidad para un antígeno o que el mismo aún no ha podido ser identificado. Para el *locus* A es el dos por ciento y para el B del tres por ciento (para la raza caucásica).
- d. **Inclusión antigénica:** durante el proceso de tipificación en el laboratorio, un determinado antisuero puede detectar sólo un antígeno o varios antígenos emparentados con el primero. Por este motivo, los laboratorios intercambian antisueros, realizándose durante los workshops internacionales la clasificación y nomenclación de los descubiertos durante el último período.

III) PROTEÍNAS PLASMÁTICAS

Más de 30 proteínas plasmáticas se han descripto con polimorfismo genético, usándose sólo ocho de ellas, habitualmente en hemogenética forense (Hp, Tf, Gc, Pi, Bf, Or, PL6, F13A y B). En la actualidad se esperan promisorios aportes de más de 20 componentes del complemento y de sus proteínas reguladoras.

Los alelos de las inmunoglobinas forman el sistema genético más polimórfico de las proteínas séricas humanas. Los alelos han sido observados en las cadenas pesadas de I_g G₁, I_g G₂, I_g G₃, I_g A₂, e I_g E y en las cadenas livianas Kappa. Ellos son los llamados alelos G_{1m}, G_{2m}, G_{3m}, A_{2m}, Em y Km respectivamente. Los alelos de las cadenas pesadas son heredados en haplotipos, porque los genes están cercanamente ubicados en el cromosoma 14. Los alelos Km, los cuales son heredados independientemente porque el gen Kappa está ubicado en el cromosoma 2, actúan como un sistema bialélico. Para el sistema Gm los alelos son como mínimo 4, 2, 6 y 2 respectivamente.

Por estar incompletamente expresados desde el nacimiento, se deben utilizar luego de los seis meses de edad del niño/a. También se debe asegurar que la persona analizada no haya recibido en los últimos 45 días sangre y/o gammaglobulinas.

El sistema Gm/Km es de utilidad fundamental en la determinación de la maternidad en caso de cambio de niño recién nacido, ya que las primeras semanas, el recién nacido lleva casi exclusivamente las proteínas de la madre, demostrándose el vínculo de manera exacta y precisa.

Las técnicas más utilizadas para estas determinaciones son: electroforesis, inhibición de aglutinación y la IEF.

ENZIMAS ERITROCITARIAS

Para estudios de filiaciones se investiga habitualmente: glucosa 6 fosfato, deshidrogenasa (6PGD), glixolasa I (GLO I), glutamato piruvato transaminasa (GPT), urimnosofosfato kinasa (UMPK), fosfoglicolatosfosfatasa (PGP), fostoglucomutosa 1 y 2 (PGMI y pgm2), fosfatasa ácida (ACP), ademilkinasa 1 (AKI), adenosim-deaminosa (ADA), esteraza (EsD).

Para su estudio se utilizan métodos de electroforesis de alto voltaje, isoelectroenfoque y aglutinación.

Estimaciones derivadas de estudios electroforéticos indican que aproximadamente un tercio de todas las encimas humanas exhiben polimorfismo genético.

Durante los últimos 25 años, técnicas estandarizadas y extensos estudios poblacionales han previsto información suficiente en los sistemas de ACP1, PGM1, AK, ADA, PGD2, ESD, como para que los mismos hayan sido incluidos en el programa básico de investigaciones en la región germánica.

En medicina forense, encuentran su uso principal en la investigación de marcadores genéticos en manchas o secreciones.

En la tabla IV se presentan algunos de los sistemas de proteínas y enzimas con su correspondiente poder de exclusión.

OTROS ESTUDIOS DE USO MENOS FRECUENTE

Presentamos a continuación sistemas genéticos en desarrollo y métodos especiales que a veces se utilizan en la comprobación de la identidad y/o filiación.

1- POLIMORFISMO DEL ADN

Los análisis clásicos de marcadores bioquímicos para la identificación de individuos tienen lugar en el nivel del fenotipo.

Esto es verdad no sólo para los polimorfismos de estructuras de superficies de eritrocitos y de linfocitos, sino también para aquellas enzimas y proteínas séricas y celulares.

La tecnología de recombinación del ADN permite el estudio de los polimorfismos como marcadores codominantes en el nivel del genotipo.

Hasta ahora se han descrito más de 1.000 regiones polimórficas en todos los cromosomas humanos. En un futuro cercano los problemas probablemente no están dados por la caracterización de un individuo a nivel molecular, sino por realizarlo en una forma económica.

Los avances recientes en la tecnología de la recombinación del ADN han permitido la rápida detección de polimorfismos especificados del ADN en el genoma humano. Dichos polimorfismos son causados por sustituciones de bases simples o por inserción o por deleción de largos *stretches* del ADN. Estas variantes han sido utilizadas en el diagnóstico prenatal de enfermedades hereditarias y en la detección de portadores heterocigotos. Ellos pueden también proveer una útil herramienta en la medicina forense, en determinaciones de la paternidad.

Schmidke y Col, a partir de sus estudios han calculado que uno de cada 300 pares varía polimórficamente en el genoma humano, infiriendo que hay cerca de 10.000.000 polimorfismos del ADN que pueden ser explotados en la medicina clínica y forense.

Halaza y Col encontraron resultados similares considerando padres excluidos e índices de paternidad en 124 casos estudiados comparativamente con HLA y sólo dos polimorfismos de ADN (DI, 45I y HRAS1).

El estudio de los fragmentos del ADN (RFLP-DNA) es un método poderoso para estimar la probabilidad de paternidad. Usando sólo cuatro sondas se pueden obtener índices de paternidad mayores de 1.000. El test de la “huella dactilar del ADN” ha probado ser de una gran utilidad para la estimación de paternidad en casos con haplotipos HLA comunes, exclusiones simples, reactividad cruzada de haplotipos HLA y en exclusiones indirectas.

Asimismo permitirá resolver casos excepcionales como son los casos donde se acusa como padres a dos hermanos, los casos de incesto, los de padre e hijo acusados, al igual que los casos deficientes (donde faltan padres y/u otros familiares).

En pocos años los estudios de paternidad se resolverán a partir de las investigaciones de estos polimorfismos.

2- HETEROMORFISMOS CROMOSÓMICOS

La primera exclusión de paternidad a través del análisis de las variantes cromosómicas fue publicada por de la Chapelle en 1967. Algunos laboratorios especializados en Bélgica, Alemania y Dinamarca incluyen el estudio de estos marcadores con los de HLA o de grupos sanguíneos. Existen tablas de frecuencia para las poblaciones de dichos países y para Estados Unidos. Requiere que los linfocitos sean cultivados, teñidos con quinacrina y luego fotografiados para su análisis. Según los distintos grupos es esperable la probabilidad de exclusión de 72 a 88,2 por ciento en los casos concernientes a niñas y de 74 a 95 por ciento en los niños.

3- INVESTIGACIONES EN RESTOS HUMANOS

Ciertos marcadores genéticos (ABC, GM/Km, Hp, PGM, AK, ADA, ESD, GLO I, HLA) pueden ser estudiados en restos óseos largo tiempo después del fallecimiento de la persona. Esto permitiría en el caso de tener identificada la tumba, aportar más elementos para la demostración del nexo biológico en los casos de padres de Niños Desaparecidos, que fueron ellos mismos adoptivos, y/o cuando no se puede reconstruir un mapa genético del árbol genealógico, por ausencia de otros familiares.

El sistema HLA fue usado satisfactoriamente para resolver casos con restos humanos sumergidos en agua entre tres y seis meses.

4- MARCADORES GENÉTICOS DE SALIVA

Algunas proteínas humanas y animales, por ejemplo PGM, son conocidas por exhibir polimorfismo genético. Dado su carácter secretor han sido adosados grupos sanguíneos ABO, debiendo valorarse cuidadosamente los resultados de las distorsiones que provoca la contaminación bacteriana y los distintos tiempos de desaparición de los antígenos. Mediante técnicas especiales se han detectado los antígenos de los grupos sanguíneos Lewis a y b.

5- SUSTANCIAS ABO EN HUELLAS DIGITALES LATENTES

Con el uso de la aglutinación mixta celular ha sido posible detectar antígenos ABO secretores en huellas digitales, tomadas varios meses antes de la tipificación, abriéndose así un campo promisorio para la detección de otros marcadores genéticos.

6- MARCADORES GENÉTICOS EN EL PELO

Están en desarrollo técnicas de tipificación de polimorfismos enzimáticos en el pelo. Ya ha sido posible discriminar entre el pelo del ser humano y de diferentes animales y también entre distintos individuos. Sería un modo útil, especialmente en aquellos casos de niños secuestrados cuyos familiares conservan el pelo cortado poco después del nacimiento.

7- POLIMORFISMO DENTARIO

Se encuentra en investigación la transmisión hereditaria de la forma dentaria que seguiría las leyes mendelianas, requiere el análisis de las impresiones dentales.

8- MÁQUINA DE LA EDAD

Un estudio en Estados Unidos permite observar a partir de un análisis fotográfico, artístico y de computación, las modificaciones que se producen en la cara del niño como fruto del paso del tiempo. Se ha descrito el caso de un niño secuestrado a los cuatro años de edad e identificado con este método ocho años más tarde.

Sería útil para identificar niños desaparecidos con más de cuatro años. No puede ser aplicado para el grueso de los niños desaparecidos que fueron secuestrados con mayor edad y a los nacidos en cautiverio.

9- ESTUDIO ANTROPOBIOMÉTRICO

Este método, en el cual analizan los rasgos físicos a través de fotografías o directamente sobre las personas, ha sido desarrollado en Alemania. A pesar de que no es de tanta precisión como el estudio de los marcadores hemogenéticos, su uso estaría indicado para:

- 1) demostrar que un niño secuestrado es el mismo ya localizado;
- 2) casos en los que alguno de los padres del niño desaparecido es adoptado, careciéndose entonces de una de las ramas familiares para el análisis de los marcadores especiales;
- 3) casos en los que alguno de los abuelos ha fallecido antes de poder ser analizado;
- 4) descarte del nexo biológico entre los apropiadores y un niño desaparecido sin violar la intimidad de los primeros.

LÓGICA Y EVALUACIÓN ESTADÍSTICA

Poder de exclusión

La utilidad de los tests genéticos reside en la posibilidad de excluir a una persona falsamente acusada de nexo biológico con otra. Este poder de exclusión (A) muestra la posibilidad de que un sistema genético se pueda excluir a un no padre antes

de la realización del estudio. Cuando más se acerque a 1 ese sistema, más útil será para la demostración del nexo biológico.

En la tabla N° 4 se muestra el poder de exclusión de los distintos sistemas estudiados, y en la tabla N° 5 la posibilidad acumulativa de la exclusión de grupos sanguíneos, proteínas séricas, enzimas eritrocitarias e histocompatibilidad.

Sistema	Poder de exclusión
Grupos sanguíneos	
A1 A2 B0	0.17
MNSs	0.31
Rh	0.22
Duffy	0.18
Kidd	0.19
Kell	0.04
Proteínas séricas	
Gc	0.31
Tf	0.18
Bf	0.16
Hp	0.18
C3	0.15
Gm	0.21
Km	0.08
Enzimas eritrocitarias	
ACP	0.22
Glo	0.18
PGM	0.32
ESD	0.10
GPT	0.19
AK	0.03
ADA	0.05
GPGD	0.02
HLA	0.87

Tabla N° 4: Poder de exclusión de algunos sistemas genéticos.

Sistemas	Poder de exclusión
Grupos sanguíneos	0.72
Proteínas séricas	0.76
Enzimas eritrocitarias	0.71
HLA (A, B)	0.87
Grupos sanguíneos, proteínas séricas y enzimas eritrocitarias	0.98
Grupos sanguíneos y HLA (A, B)	0.96
Todos los sistemas	0.99

Tabla N° 5: Poderes de exclusión acumulativos de los sistemas genéticos.

La tabla N° 6 muestra los fenotipos más habituales (columna A) y los más raros (columna B) para los 30 sistemas genéticos diferentes, así como la frecuencia relativa de cada uno de ellos en los caucásicos.

Sistema	A. Fenotipo más común	Frecuencia	B. Menos común	Frecuencia	Ref.
ABO	O	0.4041	A2B	0.0092	116
Rh	Cc D.11	0.3476	ceddEE y otros	0.0001	116
MNSs	MNSs	0.2326	NNSS	0.0056	116
Kell-Celano	Kk	0.923	KK	0.002	116
Duffy (a, b)	Fy (a+b+)	0.4854	Fy (a+b+)	0.1716	116
Kidd (a, b)	Jk (a+b+)	0.500	Jk (a+b+)	0.236	116
Lutheran (a, b)	Lu (a+b+)	0.920	Lu (a+b+)	0.0002	116
P	P+	0.802	P-	0.198	116
ADA	ADA 1-1	0.872	ADA 2-2	0.004	116
AK	AK 1-1	0.931	Ak 2-2	0.001	116
AcP	acP AB	0.393	acP C	0.001	116
PGM1	PGM1 1-1	0.596	PGM1 2-2	0.052	116
C3	C3 2-2	0.615	C3 1-1	0.0438	116
Gc	Gc 1-1	0.515	Gc 2-2	0.080	116
Hp	Hp 1-1	0.469	Hp 1-1	0.142	116
Tf	Tf c	0.9788	TfCD1	0.0022	116
Gm (1, 2, b)	Gm (-1, -2, b)	0.450	Gm (1, -2, -b)	0.038	116

Inv (1)	Inv (-1)	0.874	Inv (1)	0.126	116
GPGD	PGD (A)	0.9564	PGD (B)	0.0008	116
Sese	Se	0.773	Se	0.227	116
Xg (a) (en varones)	Xg (a+)	0.664	Xg (a-)	0.356	117
Glo I	Glo 2-1	0.48	Glo 1-1	0.16	118
GPT	GPT 2-1	0.49	GPT 2-2	0.22	119
ESD	EsD 1-1	0.813	EsD 2-2	0.0009	120
Bf	Bf SS	0.5027	Bf S ₁ S ₁	0.0002	121
Amy 1	Amy 1 A	0.993	Amy 1 B	0.0001	121
Amy 2	Amy 2 A	0.895	Amy 2 B	0.105	122
1 antitrip	1 PI M1	0.41	PI FM ₁	0.004	123
Tc II	TC II 3-4	0.4774	TC II 2-2	0.0005	124
HLA-A, HLA-B	(1,2) (8,44)	0.0096	varios	0.000000009	125

Tabla N° 6: ver texto.

Encontraremos sólo 19 personas en toda la población mundial actual (5.000.000.000) que presentan los alelos más comunes en los sistemas genéticos indicados.

A la inversa, probablemente aún no haya nacido el hombre que presente la combinación de todos los fenotipos más raros, ya que aparece una persona cada 1.067 con esta característica.

Existen por lo menos 62 sistemas de marcadores genéticos diferentes. Sin embargo, con el objeto de disminuir los costos, todos los grupos de acuerdo a su preferencia, entrenamiento y facilidades con que cuentan, realizan las determinaciones sólo de algunos sistemas, de acuerdo a programas normativos para cada centro. Son adecuados aquellos esquemas que permiten excluir por lo menos el 70 por ciento de los falsos acusados.

Si contabilizamos sólo los sistemas que son comúnmente usados según los diferentes protocolos internacionales, encontramos que una persona cada 100.000 presenta los fenotipos más comunes para dichos sistemas.

Estos datos hacen entender más claramente la enorme capacidad de discriminación entre personas falsamente acusadas y parientes verdaderos que tiene el estudio de los marcadores genéticos.

Teóricamente es posible excluir a los no padres utilizando algunos de los 62 sistemas genéticos conocidos, y a la inversa, el padre podría ser detectado con virtual certeza. Sin embargo, el enorme costo de realizar todos estos tests sumado a la rareza de algunos de los reactivos, hace que sea poco lógico el uso rutinario de todos los sistemas en los casos de paternidad controvertida.

Será de este modo poco práctico insistir en un 100 por ciento de inclusión de paternidad. De cualquier modo, en contraste con la evidencia subjetiva con la cual la paternidad es frecuentemente determinada, tests como la tipificación de marcadores genéticos que generalmente proveen altas posibilidades de paternidad, deberán ciertamente ser preferidos por las cortes.

CONCEPTOS DE INCLUSIÓN E INCLUSIÓN

Se denomina exclusión al descarte del nexo biológico. Inclusión es la demostración del nexo biológico.

Son conceptos contrapuestos, por lo que no es posible calcular los índices de inclusión (ya sea paternidad o abuelismo) en casos donde ha habido exclusión del vínculo sanguíneo.

La inclusión es un fenómeno dependiente de la no exclusión del nexo biológico y del tratamiento matemático de los resultados de cada grupo de los marcadores genéticos estudiados.

La posibilidad del nexo biológico entre personas será descartada si se diera algunas de las tres situaciones siguientes.

Primera regla de exclusión: el niño estudiado presenta un marcador genético que no está en ninguno de sus presuntos parientes.

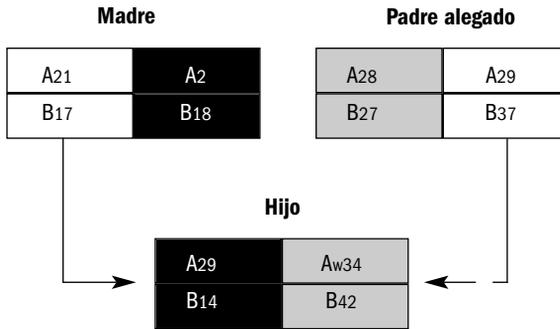


Figura 3: Primera regla de exclusión (Sistema HLA).

Segunda regla de exclusión: el niño debe presentar aquel marcador genético por el cual uno de sus padres es homocigota.

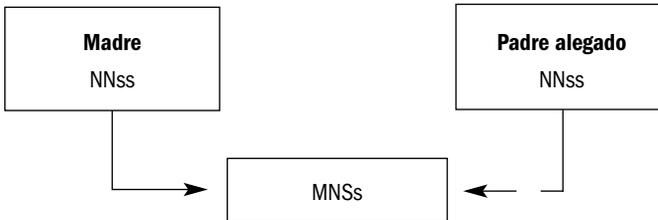


Figura 4: Segunda regla de exclusión (Sistema MNSs).

Tercera regla de exclusión: los haplotipos (complejos genéticos) se heredan como unidades de bloque. (La excepción de esta regla es el CrossOver, situación muy poco frecuente y fácilmente detectable).

Se han observado un 30 por ciento de exclusiones de los padres alegados en un centro que ha analizado 21.000 tríos para casos de paternidad discutida. En un pequeño porcentaje de casos sólo una exclusión indirecta simple fue encontrada y no se la consideró concluyente. En estas situaciones corresponde ampliar las investigaciones estudiando otros sistemas genéticos. Si aún no se resolvieran

adecuadamente, se deben realizar estudios familiares.

Las falsas exclusiones son sumamente raras debiéndose a fallas técnicas y/o de interpretación de los resultados.

Las falsas inclusiones son aún más raras que las anteriores. Pueden darse cuando tanto el padre biológico como el alegado están genéticamente relacionados (hermano, primos, situaciones de incesto, etc.). Otra fuente potencial de error la constituyen las situaciones donde se consideran miembros de comunidades cerradas o endogámicas por motivos raciales, geográficos y/o culturales. Ambas posibilidades se descartan a través del interrogatorio.

Cuando con todas las pruebas mencionadas no se ha excluido el nexo biológico entre el niño y el padre alegado o la familia reclamante, se realiza un tratamiento matemático de los datos obtenidos para considerar la probabilidad de inclusión.

EVALUACIÓN ESTADÍSTICA

Toda opinión biológica sobre la paternidad se basa en que los padres verdaderos de un niño poseedor de una característica específica tienen una frecuencia diferente de los falsos padres para dicha característica.

Los cálculos están basados en el teorema de Bayes (1763) luego desarrollado por Essen Möller, pionero de los estudios de paternidad.

Se denomina Índice de Paternidad al cociente X (frecuencia con el cual un padre biológico puede tener el mismo fenotipo con el padre alegado para una determinada combinación madre/niño) sobre Y (frecuencia de todos los fenotipos que pueden contribuir para una determinada combinación madre/niño). Es una forma de presentar las probabilidades genéticas de paternidad de una combinación fenotípica madre/niño/padre alegado, indicando la chance de la hipótesis correcta dado un conjunto de observaciones.

Al ser un cociente de frecuencias poblacionales puede ser directamente obtenido de los datos de laboratorio y la computación de las tablas de frecuencia de los distintos sistemas genéticos considerados.

Se denomina probabilidad de paternidad (W) a la probabilidad con la cual fenotipos observados ocurrirán a un trío madre/niño/padre al azar no excluido.

El resultado se expresa en porcentaje. Está integrada en este valor la probabilidad previa que es un valor asignado de 0 a 100%, indicativa de la probabilidad de que un determinado evento haya ocurrido. La probabilidad anterior se estima previamente a los tests genéticos en base a circunstancias no genéticas conocidas que rodean el caso. Se usa habitualmente la modificación de Hummel de la ecuación de Essen-Möller donde se asume la probabilidad anterior como de 50% (neutra).

La fórmula se expresa como: $W = X / X+Y = \%$ donde X e Y representan los mismos datos que los utilizados para la construcción del índice de paternidad.

PREDICADOS VERBALES

A partir de la probabilidad de inclusión se han establecido los predicados verbales de Essen-Möller, modificados por Hummel, los cuales permiten evaluar los resultados.

Estos predicados verbales han sido aceptados como válidos e incorporados por toda la comunidad científica. Este método hace posible tomar una decisión numérica graduada sobre la probabilidad de la paternidad alegada. La escala de probabilidad va de 0 a 100% y hay sugerencias de límites dentro de los cuales decisiones positivas y negativas pueden ser tenidas como ciertas.

Índice de paternidad	Porcentaje de paternidad (w)	Predicados verbales
(PI)	99,77	Paternidad prácticamente probable
400 o más	99-99,73	Paternidad altamente probable
100-400	95-99	Paternidad muy probable
19-99	90-95	Paternidad probable
10-18	80-90	Indicación positiva de paternidad
	50-80	Zona de indiferencia (en lado positivo)
0,11-9,0	10-50	Paternidad dudosa
	5-10	Paternidad improbable
-0,11	1-5	Paternidad muy improbable
	0,27-1	Paternidad altamente improbable
	0,27	Paternidad prácticamente excluida

Tabla N° 7: Predicados verbales para diferentes valores de índices de paternidad y porcentajes de paternidad.

Los valores significativos son aquellos mayores de 95% y 19 de porcentaje de paternidad e índice de paternidad respectivamente. Hasta hace no mucho tiempo las investigaciones preferían expresar las conclusiones en las pericias con uno u otro. En la actualidad hay acuerdo de la conveniencia de hacer constar ambos en el informe del juez.

SITUACIONES ESPECIALES

Existen algunas situaciones especiales que se alejan del caso común de la paternidad en el que se considera sólo una madre biológica, un niño y un padre alegado.

- a) Problemas comprendiendo extranjeros: es necesario contar con tablas de frecuencia genética adecuadas para la raza de la persona estudiada. Existen actualmente programas de computación que permiten analizar estos casos y los de mestizos. Debido a que la raza blanca es tan uniforme en sus características de grupos sanguíneos según las normas actuales alemanas y estadounidenses no hacen falta diferenciar entre caucasianos.
- b) Incesto.
- c) Hermanos.
- d) Más de un niño.
- e) Mellizos.
- f) Maternidad cuestionada.
- g) Más de un hombre.
- h) Posible superfecundación (biopaternidad).

Todos estos casos requieren para su resolución un análisis por computación. También constituye una situación especial la determinación de la filiación de los Niños Desaparecidos, que por su relevancia estudiaremos en el próximo apartado.

DEMOSTRACIÓN DE ABUELISMO

A partir de la década del 70, una vez afianzada la demostración de la paternidad y al realizarse en forma rutinaria el estudio de los nuevos sistemas de marcadores

genéticos, fue posible proceder el diagnóstico del abuelismo, o sea la demostración del nexo biológico entre un niño y sus abuelos en ausencia de sus padres.

En 1971 Hummel publica por primera vez los cálculos matemáticos para la resolución de estos casos. En 1974 Spencer y Col publican el primer caso de descarte de paternidad analizando 17 sistemas genéticos diferentes en ausencia del padre alegado, estudiando a los presuntos abuelos. Cabe acotar que fue descartado el abuelo como padre de la persona alegada, comprobándose la infidelidad de la abuela.

En 1976 1978 Nakajima y Col publican cuatro casos de paternidad estudiando grupos sanguíneos, HLA, proteínas séricas y enzimas eritrocitarias en los abuelos, por falta de los padres alegados. En dos casos se comprobó la paternidad a través de la prueba biológica, en uno se descartó y en el último el resultado fue dudoso, a pesar de que se inclinaba hacia la presunción de paternidad. En 1980 Asano presenta las fórmulas para diagnóstico de la paternidad en caso de padres fallecidos, estudiando los parientes, y muestra su efectividad a partir de la simulación de 10.000 casos con un programa de computación.

Hummel en 1982 muestra un análisis de 187 casos en ausencia de los progenitores desarrollando nuevas fórmulas para resolver estos problemas, señalando que ningún caso debe ser considerado “sin esperanzas” desde el comienzo. Asimismo señala la importancia de abarcar el mayor número posible de familiares en los casos “deficientes”. Con el objeto de evaluar correctamente toda esta información desarrolla un programa de computación multifamiliar y multirracial para todos los sistemas (GS, HLA, PS, EE). Remarca que la exclusión del nexo biológico sólo es posible en el caso de poder analizar a ambos padres de la persona faltante y destaca que se deben captar como comprobantes del nexo biológico valores menores del índice que los que se manejan habitualmente en los casos de paternidad común.

En el mismo año otro científico alemán, Max Baur, también desarrolla un programa de computación que satisface los mismos objetivos. En 1983, en el seminario de Airlie, Estados Unidos, realizado conjuntamente por estadounidenses y europeos, W. Mayr presenta los resultados de 45 casos con progenitores ausentes (18 sin padre y 27 sin madre) demostrando que es posible establecer una conclusión sobre la filiación en casos deficientes, estudiando abuelos y/o tíos, incluyen-

do tantos sistemas genéticos como sea posible y especialmente el sistema HLA.

En 1984 se presenta en el Simposio anual de la Asociación Americana para el Avance de la Ciencia (AAAS), el trabajo de Pierre Darlu y L. Cavalli-Sforza los cuales señalan que en el caso de contar con los cuatro abuelos se puede llegar a contar con una probabilidad de exclusión de 95,5%, estudiando 18 sistemas genéticos diferentes (entre ellos HLA). Este porcentaje baja a 61,7% en el caso de contar sólo con dos abuelos. Sin embargo si se suman 22 sistemas de polimorfismo de ADN los respectivos porcentajes suben a 96,6% y 84,1% respectivamente. También señalan que los cálculos de probabilidad de abuelismo pueden calcularse fácilmente a través del teorema de Bayes, como una extensión de las clásicas estimaciones de las probabilidades de paternidad.

En 1984, Di Lonardo (Argentina), Darlu (Francia), Baur (Alemania), Orrego y King (Estados Unidos), presentan los fundamentos técnicos y estadísticos para la determinación del abuelismo y el primer caso de identificación de un niño desaparecido. En este caso, como es habitual, el sistema más informativo fue el HLA, llegando con este único sistema a un índice de abuelismo de 99,9%.

BANCO NACIONAL DE DATOS GENÉTICOS

Abuelas de Plaza de Mayo cuenta con un equipo de filiación que asesora a la asociación en este campo. El equipo recoge los árboles genealógicos de la familia, tramita la orden judicial, actúa como perito de parte en la extracción de la muestra, en su posterior análisis, y la presentación de las conclusiones a los tribunales. Asimismo mantiene relaciones científicas de intercambio y asesoramiento con investigadores de todo el mundo, gestionándose también la donación de reactivos dadas las dificultades económicas imperantes en el país.

Con el objeto de asegurar validez a los estudios se tramita en todos los casos una orden judicial o de la Subsecretaría de Derechos Humanos (SSDH), para la realización de la pericia.

Los estudios se realizan en el Servicio de Inmunología del Hospital Durand de la ciudad de Buenos Aires, el cual cuenta con personal altamente capacitado e infraestructura adecuada. Dicho servicio actúa como perito oficial en todos los casos.

Abuelas de Plaza de Mayo ha bregado para que los estudios de filiación sean hechos por un organismo oficial, a fin de evitar que intereses económicos perturben la tarea, para no ser juez y parte, y por considerar que es la reparación mínima que el Estado debe realizar por su responsabilidad en el fenómeno de la desaparición de niños.

De acuerdo a los datos recogidos de los árboles genealógicos, existen actualmente 61 niños desaparecidos con posibilidad de que se les reconstruya en forma completa su mapa genético. El resto de los casos requerirá de investigaciones más complejas.

No es posible saber cuándo será identificado el último de los Niños Desaparecidos. En algunos casos será el propio niño, ya adulto, el que tomará conocimiento de su verdadera identidad. Por tal motivo es imprescindible garantizar las condiciones que hagan posible esta identificación aún en el caso de ausencia o muerte de sus familiares.

Impulsado activamente por Abuelas de Plaza de Mayo se elaboró un proyecto de ley referido a un Banco Nacional de Datos Genéticos de Familiares de Niños Desaparecidos, en conjunto con la SSDH de la Nación, la Secretaría de Desarrollo Humano y Familia de la Nación, la Secretaría del Menor y la Familia de la Provincia de Buenos Aires, la Secretaría de Salud Pública y Medio Ambiente de la Ciudad de Buenos Aires, y el Servicio de Inmunología del Hospital Durand de la Ciudad de Buenos Aires. Este proyecto fue presentado y motorizado por el Presidente de la Nación siendo convertido en Ley Nacional 23.511 en mayo de 1987, con la aprobación de todos los partidos políticos del Parlamento.

Esta ley satisface el viejo anhelo de las Abuelas de dejar establecidas condiciones prácticas que posibiliten la identificación de sus nietos aún en su ausencia, ya que es imposible saber cuándo ellos serán localizados.

Asimismo esta ley está concebida como un arma contra el tráfico y comercio de niños, el cual es un problema de grandes dimensiones en nuestro país.

Las disposiciones especiales de esta ley son:

- 1) Creación del Banco de Datos Genéticos, el cual funcionará en el Servicio de Inmunología del Hospital Durand prestando su asistencia en forma gratuita.
- 2) En todos los casos se estudiarán los marcadores genéticos de grupos sanguíneos, de histocompatibilidad, de proteínas séricas y de enzimas eritrocitarias.

- 3) Conservación de una muestra de sangre de cada familia con el fin de posibilitar la realización de los estudios que se desarrollen en el futuro.
- 4) Obligación de todos los jueces nacionales de realizar en todo niño en el cual se dude de la filiación, los estudios de marcadores genéticos y su posterior cotejo con los obrantes en el Banco Nacional de Datos Genéticos.
- 5) Normas de procedimiento e identificación para los estudios realizados en la sede del Banco Nacional de Datos Genéticos en otro lugar del país o en el exterior.

Teniendo en cuenta la expectativa de vida actual en la Argentina, este Banco de Datos Genéticos deberá funcionar por lo menos hasta el año 2050.

Desde 1984, fecha del primer estudio, hasta hoy, se han identificado 11 niños a través de los análisis de marcadores genéticos. En siete casos la Justicia dispuso la restitución completa a la familia de origen mientras que los dos niños restantes siguen viviendo con la familia de crianza.

Excepto en un caso en que se pudo estudiar a los dos padres y dos hermanos, en los restantes, debido a la ausencia de los progenitores, fueron resueltos analizando abuelos, tíos, hermanos, tíos abuelos y bisabuelos.

En siete casos fue descartado el vínculo con el nexa biológico. En ninguno de estos casos las familias que tenían a estos niños, a pesar de que alegaban ser los padres biológicos, permitieron que se les realizaran estudios de filiación.

Con un niño abandonado se descartó que fuera un niño desaparecido, y gracias al trabajo de Abuelas de Plaza de Mayo se localizó a la madre, confirmando se el nexa a través de los estudios de marcadores genéticos.

Existen órdenes judiciales para analizar a 15 niños. Los apropiadores de ocho de estos niños huyeron al tomar conocimiento de la orden judicial que determinaba la realización de los estudios. Estos hechos, no aislados, señalan groseras fallas de la custodia policial y jurídica de los niños que se sospecha que son desaparecidos.

Según la cantidad de denuncias recibidas y por cálculos realizados por Abuelas de Plaza de Mayo, acerca del número total de Niños Desaparecidos, se calcula que deberán ser analizadas 2.000 personas para el BNDG.

Hasta el presente se han analizado 345 personas correspondientes a los grupos familiares de 81 Niños Desaparecidos.

La monumental tarea de construcción del BNDG requiere el compromiso del

Gobierno Nacional, la participación activa de los familiares de los Niños Desaparecidos, y el apoyo de la comunidad científica internacional.

La identificación de los Niños Desaparecidos y la restitución a sus legítimas familias, hoy posible gracias a los adelantos científicos, es una obligación moral, que teniendo en cuenta el restablecimiento de principios, la sociedad tiene la obligación de promover y apoyar. Esta situación beneficiará no sólo a los Niños Desaparecidos, sino a la infancia en general, la que nunca se verá expuesta a la violación de sus derechos humanos al ser privada de su identidad, de su familia y de su libertad.

NOTAS

CAPÍTULO 1 | La noticia

- 1- Entrevista a Estela Barnes de Carlotto.
- 2- Entrevista a Nélica Gómez de Navajas.
- 3- Entrevista a Rosa Tarlovski de Roisinblit.
- 4- Citado en Arditti, Rita. *De por vida. Historia de una búsqueda. Las Abuelas de Plaza de Mayo y los niños desaparecidos*. Grijalbo Mondadori. Buenos Aires, 2000, p. 99.
- 5- Nosiglia, Julio. *Botín de guerra*. Abuelas de Plaza de Mayo. Buenos Aires, 2006, p. 198.
- 6- Ídem 2.

CAPÍTULO 2 | La genética en pocas palabras

- 1- Bernath, Viviana. *La identidad. Historias reales del ADN*. Planeta. Buenos Aires, 2007, p. 49.
- 2- Sasson, Albert. “Prólogo”, en Díaz, Alberto y Golombek, Diego (comp.). *ADN: 50 años no es nada*. Siglo XXI Editores. Buenos Aires, 2007, p. 17.
- 3- De Asúa, Miguel. “Historias de la doble hélice”, en *ibid.*, pp. 39-40.
- 4- Bernath, op. cit., p. 55.
- 5- Corach, Daniel. “Linajes, familias y crímenes reinterpretados a la luz del ADN”, en Díaz y Golombek, op. cit., p. 136.
- 6- Abuelas de Plaza de Mayo. *Filiación, identidad, restitución. 15 años de lucha de Abuelas de Plaza de Mayo*. El Bloque Editorial, Buenos Aires, 1995, p. 33.

- 7- De Asúa, art. cit., en Díaz y Golombek, op. cit., p. 37.
- 8- Entrevista a Víctor Penchaszadeh.

CAPÍTULO 3 | Peregrinaje por el mundo

- 1- Citado en Nosiglia, op. cit., pp. 199-200.
- 2- Citado en *ibid.*, p. 200.
- 3- Ramos Padilla, Juan Martín. *Chicha. La fundadora de Abuelas de Plaza de Mayo*. Dunken. Buenos Aires, 2006, p. 235.
- 4- Entrevista a Estela Barnes de Carlotto.
- 5- Ídem 4.

CAPÍTULO 4 | Encuentro en Nueva York

- 1- Nosiglia, op. cit., pp. 204-205.
- 2- Abuelas de Plaza de Mayo, *Filiación, identidad, restitución...*, op. cit., p. 86.
- 3- Entrevista a Víctor Penchaszadeh.
- 4- Ídem 3.
- 5- Entrevista a Nélica Gómez de Navajas.
- 6- Citado en Arditti, op. cit., p. 101.
- 7- Ídem 3.
- 8- Citado en Ramos Padilla, op. cit., p. 236.
- 9- Citado en Arditti, op. cit., p. 101.
- 10- Ídem 5.
- 11- Bernath, op. cit., p. 66.
- 12- Ídem 3.

CAPÍTULO 5 | El caso de Paula Eva Logares

- 1- Entrevista a Estela Barnes de Carlotto.
- 2- Ramos Padilla, op. cit., p. 237.
- 3- Ginzberg, Victoria. “Una prueba de ADN que no goza de mucha confianza”, en *Página/12*, 17 de octubre de 1998.
- 4- Ibid.
- 5- Citado en King, Mary-Claire. “My mother will never forgive them”, en *Grand Street Magazine* N° 41, 1992, p. 42.
- 6- Ibid., pp. 42-43.
- 7- Arditti, op. cit., p. 102.
- 8- Entrevista a Víctor Penchaszadeh.
- 9- Abuelas de Plaza de Mayo. *La historia de Abuelas. 30 años de búsqueda. 1977-2007*. Abuelas de Plaza de Mayo. Buenos Aires, 2007, p. 68.
- 10- Citado en King, art. cit., p. 46.
- 11- Ídem 1.

CAPÍTULO 6 | El primer equipo de filiación

- 1- Nosiglia, op. cit., p. 268.
- 2- Entrevista a Rosa Tarlovski de Roisinblit.
- 3- Entrevista a Morris Tidball Binz.
- 4- Ídem 3.
- 5- Citado en Nosiglia, op. cit., pp. 202-203.
- 6- Entrevista a Víctor Penchaszadeh.
- 7- Abuelas de Plaza de Mayo. *La historia de Abuelas...*, op. cit., p. 107.
- 8- Entrevista a Daniel Bustamante.
- 9- Ídem 8.
- 10- Ídem 3.
- 11- Ídem 8.
- 12- Ramos Padilla, op. cit., p. 239.
- 13- Entrevista a Estela Barnes de Carlotto.

CAPÍTULO 7 | El papel de la ciencia forense

- 1- Citado en Arditti, op. cit., p. 108.
- 2- Citado en ibid., p. 108.
- 3- Ramos Padilla, op. cit., p. 302.
- 4- Citado en Nosiglia, op. cit., p. 268.
- 5- Ibid., pp. 268-269.
- 6- Citado en Arditti, op. cit., p. 107.
- 7- Citado en ibid., 107.
- 8- Entrevista a Rosa Tarlovski de Roisinblit.
- 9- Entrevista a Estela Barnes de Carlotto.
- 10- Entrevista a Luis Fondebrider.
- 11- Ídem 9.
- 12- Ídem 10.
- 13- Ídem 10.
- 14- Ídem 10.
- 15- Ídem 10.
- 16- Ídem 10.
- 17- Ídem 10.
- 18- Entrevista a Morris Tidball Binz.
- 19- Citado en Abuelas de Plaza de Mayo. *La historia de Abuelas...*, op. cit., p. 63.

CAPÍTULO 8 | Creación del Banco Nacional de Datos Genéticos

- 1- Citado en Ramos Padilla, op. cit., p. 267.
- 2- Citado en ibid., p. 267.
- 3- Arditti, op. cit., pp. 103-104.
- 4- Ibid., p. 104.
- 5- Citado en Margulis, Alejandro. “La genetista de los derechos humanos”, en *La Nación*, 20 de octubre de 1996.
- 6- Arditti, op. cit., p. 105.
- 7- Ibid., p. 105.

- 8- Margulis, art. cit.
- 9- Entrevista a Estela Barnes de Carlotto.
- 10- Ídem 9.
- 11- Ídem 9.
- 12- Ramos Padilla, op. cit., p. 321.
- 13- Ibid., pp. 335-336.
- 14- Ídem 9.
- 15- Citado en Margulis, art. cit.
- 16- Entrevista a Víctor Penchaszadeh.

CAPÍTULO 9 | El ADN nuclear y mitocondrial

- 1- Ramos Padilla, op. cit., p. 332.
- 2- Arditti, op. cit., p. 106.
- 3- Ramos Padilla, op. cit., p. 352.
- 4- Penchaszadeh, Víctor. “Abduction of children of political dissidents in Argentina and the role of human genetics in their restitution”, en *Journal of Public Health Policy*, Vol. 13, N° 3, 1992, p. 300.
- 5- Ramos Padilla, op. cit., p. 353.
- 6- Entrevista a Víctor Penchaszadeh.
- 7- Corach, art. cit., en Díaz y Golombek, op. cit., p. 138.
- 8- Ibid., p. 138.
- 9- Ibid., pp. 138-139.
- 10- Bernath, Viviana. “La evolución de lo estudios de identificación de personas”, en Abuelas de Plaza de Mayo, *Violaciones a los derechos humanos frente a los derechos a la verdad e identidad. 3er Coloquio Interdisciplinario de Abuelas de Plaza de Mayo*. Abuelas de Plaza de Mayo. Buenos Aires, 2005, p. 170.
- 11- http://weblogs.madrimasd.org/biologia_sociedad/archive/2007/05/28.aspx
- 12- King, art. cit., p. 49.
- 13- Ibid., p. 48.
- 14- Ibid., p. 49.
- 15- Ibid., p. 51.

- 16- Ibid., p. 52.
- 17- Bernath, art. cit., en Abuelas de Plaza de Mayo. *Violaciones a los derechos humanos...*, op. cit., pp. 178-179.
- 18- Ídem 6.

CAPÍTULO 10 | El segundo equipo de filiación

- 1- Abuelas de Plaza de Mayo. *La historia de Abuelas...*, op. cit., p. 93.
- 2- Entrevista a Hugo Spinelli.
- 3- Abuelas de Plaza de Mayo. *La historia de Abuelas...*, op. cit., pp. 102-103.
- 4- Verbitsky, Horacio. “Amados niños”, en *Página/12*, 17 de diciembre de 1989.
- 5- Ídem 2.
- 6- Entrevista a Mario Vinocur.
- 7- Ídem 6.
- 8- Abuelas de Plaza de Mayo, *Filiación, identidad, restitución...*, op. cit., p. 65.
- 9- Verbitsky, art. cit.
- 10- Ibid.
- 11- Ibid.
- 12- Abuelas de Plaza de Mayo, *Filiación, identidad, restitución...*, op. cit., pp. 88-89.
- 13- Margulis, art. cit.
- 14- Abuelas de Plaza de Mayo. *La historia de Abuelas...*, op. cit., p. 104.
- 15- Penchaszadeh, Víctor. “Genetic identification of children of the disappeared in Argentina”, en *Journal of the American Medical Women Association*, N° 52, 1997, pp. 16-27.
- 16- Abuelas de Plaza de Mayo. *La historia de Abuelas...*, op. cit., p. 106.
- 17- Ídem 2.

CAPÍTULO 11 | El banco de ADN mitocondrial

- 1- Entrevista a Mario Vinocur.
- 2- Entrevista a Hugo Spinelli.
- 3- Abuelas de Plaza de Mayo, *Filiación, identidad, restitución...*, op. cit., p. 89.
- 4- Ídem 1.
- 5- Ídem 2.
- 6- Ídem 1.
- 7- Ídem 1.
- 8- Entrevista a Daniel Bustamante.
- 9- Ídem 8.
- 10- King, art. cit., p. 52.
- 11- Penchaszadeh, “Genetic identification of children...”, art. cit., pp. 16-27.
- 12- Citado en Sánchez, Mayka. “El cáncer es casi siempre el resultado de alteraciones genéticas al azar”, en http://www.elpais.com/articulo/salud/King/_Mary-Claire/cancer/siempre/resultado/alteraciones/geneticas/azar/elpsalpor/20040210elpepi-sal_3/Tes, 10 de febrero de 2004.
- 13- King, art. cit., pp. 46-47.

CAPÍTULO 12 | La articulación institucional

- 1- Entrevista a Mario Vinocur.
- 2- Entrevista a María Belén Rodríguez Cardozo.
- 3- Ídem 2.
- 4- Ídem 2.
- 5- Abuelas de Plaza de Mayo. *La historia de Abuelas...*, op. cit., p. 97. Los artículos 7, 8 y 11 de la Convención son conocidos como “los artículos argentinos” porque fueron impulsados por las Abuelas. Establecen lo siguiente:
Artículo 7°:
 - 1) El niño deberá ser registrado inmediatamente después de su nacimiento y tendrá derecho desde éste a su nombre, a adquirir una nacionalidad y,

en la medida de lo posible, a conocer a sus padres y a ser cuidado por ellos.

2) Los Estados Partes velarán por la aplicación de estos derechos de conformidad con su legislación nacional y las obligaciones que hayan contraído en virtud de los instrumentos internacionales pertinentes en esta esfera, sobre todo cuando el niño resultara de otro modo apátrida.

Artículo 8°:

1) Los Estados Partes se comprometen a respetar el Derecho del Niño a preservar su Identidad, incluida nacionalidad, nombre y relaciones familiares de conformidad con la ley sin injerencias ilícitas.

2) Cuando un niño sea privado ilegalmente de alguno de los elementos de su identidad o de todos ellos, los Estados Partes deberán prestar asistencia y protección apropiadas con miras a restablecer rápidamente su identidad.

Artículo 11°:

1) Los Estados Partes adoptarán medidas para luchar contra los traslados ilícitos de niños al extranjero y la retención ilícita de niños en el extranjero.

2) Para este fin, los Estados Partes promoverán la concentración de acuerdos bilaterales o multilaterales o la adhesión a acuerdos existentes.

6- Citado en CONADI. *Historias buscadas*. CONADI. 15 años. CONADI. Buenos Aires, 2007, p. 58.

7- *Ibid.*, p. 57.

8- Iglesias, María Gracia. “Militar la memoria: Apropiación de menores y Derecho a la Identidad”, en

http://www.liberaccion.org/Joomla/index.php?option=com_content&task=view&id=190&Itemid=28

9- Ídem 2.

10- http://es.wikipedia.org/wiki/Huella_gen%C3%A9tica

11- CONADI. *Historias buscadas...*, op. cit., pp. 58-59.

12- Rancel Aldao, Rafael. “Del ADN a la medicina molecular sistémica”, en Díaz y Golombek, op. cit., p. 67.

13- Ídem 2.

14- Citado en Frank, Lidia. “Banco Nacional de Datos Genéticos”, en

<http://www.exdesaparecidos.org.ar/aedd/notas.php?subaction=showfull&id>

=1110508798&archive=&start_from=&ucat=3&, 31 de enero de 2003.

15- Ídem 2.

CAPÍTULO 13 | Testimonios del ADN

- 1- CONADI. *Comisión Nacional por el Derecho a la Identidad. El trabajo del Estado en la recuperación de la identidad de jóvenes apropiados en la última dictadura militar*. CONADI. Buenos Aires, 2007, pp. 114-115.
- 2- Ibid., p. 115.
- 3- Entrevista a Daniel Alcázar.
- 4- Ídem 3.
- 5- Ídem 3.
- 6- Roch Benítez, María Aurora. “Las pruebas biológicas en la determinación de la identidad”, en http://www.diarioepoca.com/2005/08/15/foco/1_las_pruebas.php
- 7- Ídem 3.
- 8- Ídem 3.
- 9- Entrevista a María Belén Rodríguez Cardozo.
- 10- Ídem 9.
- 11- Entrevista a Manuel Gonçalves Granada.
- 12- Entrevista a Juan Cabandié Alfonsín.
- 13- Ídem 12.

CAPÍTULO 14 | Vías alternativas de análisis

- 1- Hazan, Luciano. “Los análisis genéticos después del fallo ‘Vázquez Ferrá’ de la Corte Suprema de Justicia de la Nación”, en *Abuelas de Plaza de Mayo. Derecho a la identidad y persecución de crímenes de lesa humanidad*. Abuelas de Plaza de Mayo. Buenos Aires, 2006, pp. 283-302-303.
- 2- Ibid., pp. 303-304.
- 3- Radio por la Identidad 2006, en <http://www.abuelas.org.ar/radio.htm>.

- 4- Ídem 3.
- 5- Entrevista a Rosa Tarlovski de Roisinblit.
- 6- Entrevista a Natalia Suárez Nelson Corvalán.
- 7- Ídem 6.
- 8- Ídem 6.
- 9- Ídem 6.
- 10- Ídem 6.
- 11- Entrevista a Rosa Tarlovski de Roisinblit.

CAPÍTULO 15 | El don de las Abuelas a la ciencia

- 1- Abuelas de Plaza de Mayo. *Juventud e identidad. 20 años de lucha de Abuelas de Plaza de Mayo. Tomo II*. Espacio Editorial. Buenos Aires, 2001, p. 95.
- 2- Entrevista a Víctor Penchaszadeh.
- 3- “Habrá ADN obligatorio para bebés y madres en Provincia”, en *El Día*, 28 de noviembre de 2007, p. 15.
- 4- http://www.fcen.uba.ar/prensa/noticias/2006/noticias_13dic_2006.html
- 5- Ibid.
- 6- Citado en Arditti, op. cit., p. III.
- 7- Ginzberg, Victoria. “Llamaron familiares que buscábamos hace años”, en *Página/12*, 25 de marzo de 2008.
- 8- Abuelas de Plaza de Mayo, *Filiación, identidad, restitución...*, op. cit., pp. 34-35.
- 9- Montesano, Haydée y Gutiérrez, Carlos. “Apropiación y restitución de niños en Argentina. Biopolítica y filiación”, en <http://www.rebellion.org/noticia.php?id=59502>, 25 de noviembre de 2007.
- 10- Ibid.
- 11- Martínez, Tomás Eloy. “La identidad perdida”, en *La Nación*, 5 de diciembre de 1998.
- 12- Arditti, op. cit., pp. III-III2.
- 13- Entrevista a Estela Barnes de Carlotto.

APÉNDICE 1 | Banco Nacional de Datos Genéticos: la identificación de los jóvenes desaparecidos en la Argentina (2008).

- 1- Jeffreys A., Wilson V. y Thein S.. “Hypervariable ‘minisatellite’ regions in human DNA”, en *Nature* 314, 1985, pp. 67-73.
- 2- Jeffreys A., Wilson V. y Thein S.. “Individual-specific ‘fingerprints’ of human DNA”, en *Nature* 316, 1985, pp. 76-79.
- 3- Jeffreys A., Brookfield J. y Semeonoff R.. “Positive identification of an immigration test-case using human DNA fingerprints”, en *Nature* 317, 1985, pp. 818-819.
- 4- Gill P. y Werrett D.. “Exclusion of a man charged with murder by DNA fingerprinting”, en *Forensic Sci. Int.* 35, 1987, pp. 145-148.
- 5- Martínez Jarreta M.. *La prueba del ADN en medicina forense*. Editorial Masson. Barcelona, 1999.
- 6- Watson J. y Crick F.. “Molecular structure of nucleic acids: a structure for deoxyribonucleic acid”, en *Nature* 171, 1953, pp. 737-738.
- 7- Mullis K. y Faloona F.. “Specific synthesis of DNA in vitro via a polymerase-catalyzed chain reaction”, en *Methods Enzymol* 155, 1987, pp. 335-350.
- 8- Butler J.. *Forensic DNA Typing. Biology and Technology Behind STR Markers*. Academic Press, 2001.
- 9- Anderson, S., Banker A., Barrell B., De Bruijn M., Coulson A., Drouin J., Eperon I., Nierlich D., Roe B., Sanger F., Schreier P., Smith A., Staden R., Young I.. “Sequence and organization of the human mitochondrial genome”, en *Nature* 290, 1981, pp. 457-465.
- 10- Ivanov, P., Wadhams M., Roby R., Holland M., Weedn V., Parsons T.. “Mitochondrial DNA sequence heteroplasmy in the Grand Duke of Russia Georgij Romanov establishes the authenticity of the remains of Tsar Nicholas II”, en *Nat. Genet.* 12, 1996, 417-420.
- 11- <http://ystr.charite.de/>
- 12- <http://www.mitomap.org/>
- 13- Evett I., Weir B.. *Interpreting DNA evidence. Statistical Genetics for Forensic Scientists*. Ed. Sinauer Associates, Inc. Sunderland, Massachusetts, 1998.
- 14- <http://www.isfg.org/>

- 15- Morling N., Allen R., Carracedo A., Geadá H., Guidet F., Hallenberg C., Martin W., Mayr W., Olaisen B., Pascali V., Schneider P.. “Paternity Testing Commission of the International Society of Forensic Genetics: recommendations on genetic investigations in paternity cases”, en *Forensic Sci. Int.* 129, 2002, pp. 148-157.
- 16- Gill, P., Brenner C., Brinkmann B., Budowle B., Carracedo A., Jobling M., De Knijff P., Kayser M., Krawczak M., Mayr W., Morling N., Olaisen B., Pascali V., Prinz M., Roewer L., Schneider P., Sajantila A., Tyler-smith C.. “DNA Commission of the International Society of Forensic Genetics: Recommendations on forensic analysis using Y-chromosome STRs”, en *Int. J. Legal Med.* 114, 2001, pp. 305-309.
- 17- Carracedo A., Bär W., Lincoln P., Mayr W., Morling N., Olaisen B., Schneider P., Budowle B., Brinkmann B., Gill P., Holland M., Tully G., Wilson M.. “DNA Commission of the International Society for Forensic Genetics: guidelines for mitochondrial DNA typing”, en *Forensic Sci. Int.* 110, 2000, pp. 79-85.
- 18- Bär W., Brinkmann B., Budowle B., Carracedo A., Gill P., Lincoln P., Mayr W., Olaisen B.. “DNA recommendations. Further report of the DNA Commission of the ISFH regarding the use of short tandem repeat systems”, en *Int. J. Legal Med.* 110, 1997, pp. 175-176.

APÉNDICE 2 | Banco Nacional de Datos Genéticos: la identificación de los niños desaparecidos en la Argentina (1987)*.

* Notas en versión escrita, disponible en la Biblioteca de Abuelas de Plaza de Mayo.

BIBLIOGRAFÍA

LIBROS

- *Abuelas de Plaza de Mayo. Derecho a la identidad y persecución de crímenes de lesa humanidad. Tomo IV.* Abuelas de Plaza de Mayo. Buenos Aires, 2005.
- *Abuelas de Plaza de Mayo. El porvenir de la memoria. 2do Coloquio Interdisciplinario de Abuelas de Plaza de Mayo.* Abuelas de Plaza de Mayo. Buenos Aires, septiembre 2005.
- *Abuelas de Plaza de Mayo. Filiación, identidad, restitución. 15 años de lucha de Abuelas de Plaza de Mayo.* El Bloque Editorial. Buenos Aires, 1995.
- *Abuelas de Plaza de Mayo. Identidad: construcción social y subjetiva. 1er Coloquio Interdisciplinario de Abuelas de Plaza de Mayo.* Abuelas de Plaza de Mayo. Buenos Aires, 2004.
- *Abuelas de Plaza de Mayo. Juventud e Identidad. 20 años de lucha de Abuelas de Plaza de Mayo. Tomo I.* Espacio Editorial. Buenos Aires, 1999.
- *Abuelas de Plaza de Mayo. Juventud e identidad. 20 años de lucha de Abuelas de Plaza de Mayo. Tomo II.* Espacio Editorial. Buenos Aires, 2001.
- *Abuelas de Plaza de Mayo. La historia de Abuelas. 30 años de búsqueda. 1977-2007.* Abuelas de Plaza de Mayo. Buenos Aires, 2007.
- *Abuelas de Plaza de Mayo. Los niños desaparecidos y la Justicia. Algunos fallos y resoluciones.* María Teresa Piñero Producción Gráfica y Editorial. Buenos Aires, 1988.
- *Abuelas de Plaza de Mayo. Los niños Desaparecidos y la Justicia. Algunos fallos y resoluciones. Tomo II.* Abuelas de Plaza de Mayo. Buenos Aires, diciembre 2001.
- *Abuelas de Plaza de Mayo. Los niños Desaparecidos y la Justicia. Algunos fallos y resoluciones. Tomo III.* Abuelas de Plaza de Mayo. Buenos Aires, abril 2004.
- *Abuelas de Plaza de Mayo. Niños desaparecidos, jóvenes localizados en Argentina de 1975 a 2007.* Abuelas de Plaza de Mayo, Buenos Aires, agosto de 2007. Abuelas de Plaza de Mayo. Buenos Aires, 2007.
- *Abuelas de Plaza de Mayo. Restitución, apropiación, filiación* [compilación a

- cargo de Alicia Lo Gíudice]. Buenos Aires, Abuelas de Plaza de Mayo. Buenos Aires, 2005.
- Abuelas de Plaza de Mayo. *Restitución de niños*. Eudeba, Buenos Aires 1997.
 - Abuelas de Plaza de Mayo. *Violaciones a los derechos humanos frente a los derechos a la verdad e identidad. 3er Coloquio Interdisciplinario de Abuelas de Plaza de Mayo*. Abuelas de Plaza de Mayo. Buenos Aires, 2005.
 - Arditti, Rita. *De por vida, Historia de una búsqueda. Las Abuelas de Plaza de Mayo y los niños desaparecidos*. Grijalbo Mondadori. Buenos Aires, 2000.
 - Bernath, Viviana. *La identidad. Historias reales del ADN*. Planeta. Buenos Aires, 2007.
 - CONADEP. *Nunca Más. Informe de la Comisión Nacional por la Desaparición de Personas*. Eudeba. Buenos Aires, 1984.
 - CONADI. *Comisión Nacional por el Derecho a la Identidad. El trabajo del Estado en la recuperación de la identidad de jóvenes apropiados en la última dictadura militar*. CONADI. Buenos Aires, 2007.
 - CONADI. *Historias Buscadas*. CONADI. Buenos Aires, 2007.
 - Díaz, Alberto y Golombek, Diego (comp.). *ADN: 50 años no es nada. Siglo XXI Editores*. Buenos Aires, 2007
 - Herrera, Matilde y Tenenbaum, Ernesto. *Identidad, despojo y restitución*. Abuelas de Plaza de Mayo. Buenos Aires, 2007.
 - Nosiglia, Julio. *Botín de guerra*. Abuelas de Plaza de Mayo. Buenos Aires, 2007.
 - Ramos Padilla, Juan Martín. *Chicha. La fundadora de Abuelas de Plaza de Mayo*. Dunken. Buenos Aires, 2006.

REVISTAS Y DIARIOS

- Bär, Nora. “La genética debería ser objeto de las políticas públicas”, en *La Nación*, 2 de agosto de 2007.
- Ginzberg, Victoria. “Llamaron familiares que buscábamos hace años”, en *Página/12*, 25 de marzo de 2008.
- Ginzberg, Victoria. “Una prueba de ADN que no goza de mucha confianza”, en *Página/12*, 17 de octubre de 1998.

- Ginzberg, Victoria. “Un fallo contra los análisis de ADN sería como poner una lápida”, en *Página/12*, 26 de septiembre de 2003.
- “Habrá ADN obligatorio para bebés y madres en Provincia”, en *El Día*, 28 de noviembre de 2007.
- King, Mary-Claire. “My mother will never forgive them”, en *Grand Street Magazine* N° 41, 1992.
- King, Mary-Claire. “An application of DNA sequencing to a human rights problem”, en *Molecular Genetic Medicine*, Vol. 1. Academic Press, 1991.
- Lozada, Salvador María. “La intimidad y el ADN”, en *Revista Iberoamericana de Personalismo Comunitario*, Número 4, Año II, abril de 2007.
- Margulis, Alejandro. “La genetista de los derechos humanos”, en *La Nación*, 20 de octubre de 1996.
- Martínez, Tomás Eloy. “La identidad perdida”, en *La Nación*, 5 de diciembre de 1998.
- Owens, Kelly N., Harvey-Blankenship, Michelle y Mary-Claire King. “Genomic sequencing in the service of human rights”, en *International Journal of Epidemiology*, N° 31, 2002.
- Penchaszadeh, Víctor. “Abduction of children of political dissidents in Argentina and the role of human genetics in their restitution”, en *Journal of Public Health Policy*, Vol. 13, N° 3, 1992.
- Penchaszadeh, Víctor. “Genetic identification of children of the disappeared in Argentina”, en *Journal of the American Medical Women Association*, N° 52, 1997.
- Verbitsky, Horacio. “Amados niños”, en *Página/12*, 17 de diciembre de 1989.

SITIOS WEB

- <http://es.geocities.com/>
- <http://ije.oxfordjournals.org/>
- <http://weblogs.madrimasd.org/>
- <http://www.abuelas.org.ar/>
- <http://www.analisisdigital.com.ar/>
- <http://www.boletinargentino.com/>

- <http://www.cienciadigital.es/>
- <http://www.clarin.com/>
- <http://www.coolnection.com.ar/>
- <http://www.dialogica.com.ar>
- <http://www.diarioepoca.com/>
- <http://www.diariohoy.net/>
- <http://www.eaaf.org/>
- <http://www.elpais.com/>
- <http://www.eluniversal.com.mx/>
- <http://www.exdesaparecidos.org.ar/>
- <http://www.fcen.uba.ar/>
- <http://www.gerechtigkeit-heilt.de/>
- <http://www.liberaccion.org>
- <http://www.paho.org/>
- <http://www.rebellion.org/>
- <http://www.toposytropos.com.ar/>
- <http://es.wikipedia.org/>

ENTREVISTAS

- Alcázar, Daniel. Buenos Aires, 5 de abril de 2006 (cedida por Lindsay Smith).
- Barnes de Carlotto, Estela. Buenos Aires, 28 de diciembre de 2007.
- Bustamante, Daniel. Buenos Aires, 4 de diciembre de 2007.
- Cabandié Alfonsín, Juan. Buenos Aires, julio de 2006 (cedida por L.S.).
- Rodríguez Cardozo, María Belén. Buenos Aires, 17 de diciembre de 2007.
- Fondebrider, Luis. Buenos Aires, 10 de abril de 2006 (cedida por L.S.).
- Gómez de Navajas, Nélica, Buenos Aires, 9 de abril de 2006 (cedida por L.S.).
- Gonçalves Granada, Manuel. Buenos Aires, mayo de 2006 (cedida por L.S.).
- King, Marie-Claire. 15 de marzo de 2008 (por correo electrónico).
- Penchaszadeh, Víctor. Buenos Aires, 14 y 28 de noviembre de 2007.
- Poblete, Cludia Victoria. Buenos Aires, 18 de julio de 2006 (cedida por L.S.).

- Spinelli, Hugo. Buenos Aires, 14 de enero de 2008.
- Suárez Nelson Corvalán, Natalia. La Plata, 29 de febrero de 2008.
- Tarlovski de Roisinblit, Rosa. Buenos Aires, 10 de mayo de 2007 (cedida por L.S.).
- Tidball Binz, Morris. 23 de diciembre de 2007 (telefónica).
- Vinocur, Mario. Buenos Aires, 27 de noviembre de 2007.

GLOSARIO

ADN mitocondrial: ADN circular que se encuentra en el interior de las mitocondrias, orgánulo celular responsable de la obtención de energía, en un número de copias que oscila entre 1 000-10 000 y cuyo tamaño es de 16 569 pares de bases.

ADN molde: ADN del que se pretende obtener múltiples copias de un determinado segmento y que, en una reacción de PCR, la polimerasa usa como referencia para la síntesis de las nuevas cadenas de ADN.

ADN nuclear: ADN que se encuentra en el interior del núcleo celular formando parte de los cromosomas y que está presente en todas las células humanas, excepto en los eritrocitos que carecen de núcleo.

Alelo: cada una de las variantes que pueden estar presentes en un locus determinado.

Cebador: fragmento corto de ADN de cadena simple que ligado a la cadena de ADN complementaria permite a la polimerasa extender una nueva cadena de ADN para producir una molécula doble. En una reacción de PCR, se usa un par de cebadores que flanqueen un segmento determinado de ADN para obtener numerosas copias de dicho segmento.

Cromosoma: estructura muy compacta que en humanos está constituida por ADN y proteínas. En una célula somática humana existen 46 cromosomas (23 pares) mientras que en los gametos hay 23 cromosomas. Se clasifica en sexual, cada uno de los dos cromosomas (X e Y) cuya combinación determina el sexo del individuo: femenino si la combinación es XX y masculino si es XY.

Autosómico: cada uno de los cromosomas perteneciente a los 22 pares de restantes.

Delección: mutación que consiste en la pérdida de un fragmento de ADN.

Desnaturalización: separación de las dos cadenas complementarias de una molécula de ADN mediante elevación de la temperatura o exposición a agentes químicos como la formamida o urea.

Diploide: estado en el que una célula posee doble dotación cromosómica, formada por parejas de cromosomas homólogos. Las células somáticas humanas son diploides.

Electroforesis: técnica que permite la separación de moléculas de distinto tamaño cargadas en una matriz mediante la aplicación de un campo eléctrico.

Enzima de restricción: enzima que funciona como una “tijera molecular” cortando el ADN de forma específica en determinada secuencia que ha reconocido previamente.

Gen: segmento de ADN que contiene la información necesaria para la síntesis de una proteína o de un ARN (ácido ribonucleico). El número total de genes en el genoma humano se estima en unos 30 000.

Genoma: contenido total de ADN en una célula. El genoma humano tiene un tamaño aproximado de 3 000 millones de pares de bases.

Genotipo: combinación alélica en un locus determinado. **Haploide:** estado en el que una célula posee una única dotación cromosómica. Los gametos (óvulo y espermatozoide) son haploides.

Haplotipo: combinación de genotipos de diferentes loci que se heredan en bloque. Se habla de haplotipo cuando nos referimos a regiones de ADN o cromosomas que no están sujetos a recombinación, como el cromosoma Y (de herencia paterna) o el ADN mitocondrial (de herencia materna).

Heterocigoto: individuo que para un locus determinado presenta en el cromosoma paterno un alelo distinto al presente en el cromosoma materno.

Heteroplasmia: fenómeno por el que en un mismo individuo pueden coexistir moléculas de ADN mitocondrial que presentan alguna diferencia puntual entre ellas.

Hibridación: proceso por el que dos cadenas de ADN complementarias permanecen unidas atendiendo a unas reglas fijas: la A de una cadena siempre se aparea con la T en la cadena complementaria (mediante dos puentes de hidrógeno) y la C siempre se aparea con la G (mediante tres puentes de hidrógeno).

Homocigoto: individuo que para un locus determinado presenta en ambos cromosomas homólogos el mismo alelo.

Huella genética: patrón de bandas resultante de un análisis de RFLP y que es característico de cada individuo.

Huntington (enfermedad de): mal neurodegenerativo hereditario que se desencadena por una mutación genética y que destruye paulatinamente unas regiones específicas del cerebro llamadas ganglios (núcleos) basales. Se presenta en una forma autosómica dominante, lo cual significa que cualquier niño en una familia en la cual uno de los progenitores esté afectado, tiene un 50 por ciento de probabilidad de heredar la mutación que causa la enfermedad.

Locus: posición que ocupa una determinada secuencia de ADN en el cromosoma.

Marcador genético: segmento de ADN con una ubicación física identificable en un cromosoma.

Meiosis: proceso de división de una célula diploide por el que, tras dos divisiones consecutivas, resultan cuatro células hijas haploides, es decir que cada una de ellas posee un único miembro de cada par de cromosomas homólogos. Es característico de la gametogénesis.

Mitosis: proceso de división celular cuyo resultado son dos células hijas genéticamente idénticas entre ellas y, a su vez, a la célula madre. Se da en las células somáticas humanas

Multiplex: reacción de PCR en la que, mediante la adición de varios pares de cebadores en la mezcla, se amplifican simultáneamente varios fragmentos de ADN.

Mutación: cambio o alteración estructural en el ADN que puede consistir en la sustitución de una base por otra o en la delección, inserción o traslocación de un fragmento de ADN.

Nucleótido: unidad química de la molécula de ADN de cadena simple constituida por un azúcar, un fosfato y una base nitrogenada que puede ser: A (adenina), C (citocina), G (guanina) o T (timina).

Oligonucleótido: pequeño fragmento de ADN de cadena simple compuesto por varias decenas de nucleótidos.

Par de bases: por extensión, se refiere a aquellos dos nucleótidos complementarios (A-T o C-G) que podrían considerarse como la unidad química del ADN de doble cadena.

PCR: técnica in vitro que permite la obtención de millones de copias de un frag-

mento de ADN específico a partir de una pequeña cantidad de ADN mediante una reacción enzimática cíclica.

Perfil genético: combinación de los genotipos obtenidos para múltiples loci.

Polimerasa de ADN: enzima capaz de sintetizar una cadena doble de ADN tomando como referencia la información presente en una cadena simple de ADN molde.

Polimorfismo: variación en el ADN entre individuos de una misma especie. Se dice que un locus es polimórfico cuando la variabilidad afecta a más de un 1 por ciento de la población. Existen dos tipos de polimorfismos: De longitud: los alelos de un locus se diferencian entre ellos por el número total de bases que lo componen. De secuencia: los alelos de un mismo locus se diferencian en la base (A, C, G o T) presente en una o más posiciones concretas.

Polimorfismo de un solo nucleótido: variación de una sola base en una posición concreta del ADN. En el ADN humano se han descrito más de dos millones y se ha estimado que ocurren con una frecuencia aproximada de 1 SNP por cada 1.000 nucleótidos.

Renaturalización: proceso por el que las dos cadenas complementarias de una molécula de ADN desnaturalizada vuelven a asociarse al retirar su exposición al agente desnaturalizante.

RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism): variaciones en la secuencia de un determinado locus que afectan al sitio donde una enzima de restricción corta un segmento de ADN y que, por tanto, determinan el tamaño de los fragmentos que resultan del corte.

Satélite: unidad de repetición de 1.000-10.000 nucleótidos. Minisatélite: unidad de repetición de 7-100 nucleótidos. Microsatélite: unidad de repetición de 2 a 6 nucleótidos.

Secuencia repetida en tándem: región de ADN repetitivo constituida por una secuencia determinada que se repite consecutivamente, una detrás de la otra, un número variable de veces. Atendiendo al tamaño de la unidad de repetición, estas secuencias se denominan satélites, minisatélites o microsatélites.

Secuenciación: determinación del orden de bases en una molécula o fragmento de ADN.

SNP (Single Nucleotide Polymorphism): polimorfismo de un solo nucleótido.

Los SNP son empleados para identificar víctimas de catástrofes naturales (como el tsunami que se produjo en el Océano Índico a fines de 2004), casos de pescadores desaparecidos en el mar, o víctimas de atentados.

Sonda: fragmento de ADN de cadena simple marcado con un isótopo radiactivo o un agente quimioluminiscente, que se utiliza para detectar la presencia de secuencias de ADN complementarias. Puede ser Unilocus (reconoce una secuencia específica en un único locus y su hibridación tiene lugar en condiciones muy restrictivas).

STR (Short Tandem Repeats): microsatélite.

Termociclador: aparato en el que se lleva a cabo la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y que permite un rápido y preciso calentamiento y enfriamiento de las muestras para que la PCR tenga lugar de forma óptima, así como una gran versatilidad en cuanto a su programación para ajustarse a cada aplicación concreta.

VNTR (Variable Number of Tandem Repeats): minisatélite.

AGRADECIMIENTOS

A todas las personas que colaboraron de diferentes maneras en la producción de este libro: María José Lavalle Lemos, Abel Madariaga, Clarisa Veiga, María Laura Rodríguez, Paula Sansone. A quienes facilitaron material bibliográfico: Silvia Gattafoni, Manuel Barrientos, Sabina Regueiro y Luciano Hazan. A Lindsay Smith, por ceder las entrevistas que realizó para su tesis de doctorado. A todos los entrevistados: Estela Carlotto, Víctor Penchaszadeh, Natalia Suárez Corvalán, María Belén Rodríguez Cardozo, Daniel Bustamante, Hugo Spinelli, Morris Tidball Binz, Mario Vinocur. Y un agradecimiento especial a todo el personal del Banco Nacional de Datos Genéticos que hizo suya la esperanza de seguir encontrando más nietos y nietas.