

Sara Palomo-Díez, Cláudia Gomes,
Ana María López-Parra, Ivon Cuscó,
Eduardo Tizzano, María Eulalia Subirá,
Andrea Fernández Vilela, Núria Montes,
Diego López Onaindia, Assumpció
Malgosa, Diana Vinuesa, Cristina Santos,
Ferran Casals, Anna Camats,
Enric Tartera y Eduardo Arroyo-Pardo

Revista
d'Arqueologia
de Ponent



nº 31 2021

Pàgs. 273-286

DOI 10.21001/rap.2021.31.15

Universitat de Lleida

ISSN: 1131-883-X

ISSN electrònic: 2385-4723

www.rap.udl.cat

Estado actual de la identificación de restos humanos de víctimas de la Guerra Civil Española y de la posguerra en Cataluña

The current state of identification in Catalonia of the remains of victims of the Spanish Civil War and the Post-war period

La genética cumple un papel primordial dentro del proceso de identificación de las víctimas de la Guerra Civil Española y la posguerra. Aquí se realiza un resumen sobre el estado de la cuestión en Cataluña. Son objeto de análisis los restos humanos exhumados en esta comunidad al amparo de las licitaciones EXI-2017-53 y resolución EXI/2948/2016, de 21 de diciembre.

El Grupo de Genética Forense y Genética de Poblaciones del Departamento de Medicina Legal, Psiquiatría y Patología de la Facultad de Medicina de la Universidad Complutense de Madrid, como miembro del equipo de trabajo asociado a Itirta Arqueología SL, participa junto al Laboratorio de ADN antiguo de la Unidad de Antropología Biológica de la Universidad Autónoma de Barcelona en colaboración con la Universidad Pompeu Fabra, en el análisis genético de los restos humanos exhumados. Además, el Hospital Vall d'Hebron realiza el análisis genético de familiares, así como la búsqueda de relaciones de parentesco.

Desde septiembre de 2017, hasta la fecha se han analizado genéticamente 199 individuos, de los 380 exhumados desde el año 2000. Se han obtenido perfiles genéticos parciales o completos en el 90 % de los casos, y se han logrado 9 identificaciones.

Palabras clave: genética forense, identificación genética, grandes catástrofes, Guerra Civil Española, ADN mitocondrial, STR.

Genetics plays a key role in the process of identification of victims of the Spanish Civil War and the subsequent Postwar period. This article summarises the current state of the analyses of human remains exhumed in Catalonia in the framework of the EXI-2017-53 contracts and resolution EXI/2948/2016 of December 21.

The Group of Forensic Genetics and Population Genetics of the Department of Legal Medicine, Psychiatry and Pathology of the Faculty of Medicine of the Complutense University of Madrid, as a member of the team of Itirta Arqueología SL, participated in collaboration with the Ancient DNA Laboratory of the Biological Anthropology Unit of the Autonomous University of Barcelona and the Pompeu Fabra University, in genetic analyses of exhumed victims. The Vall d'Hebron Hospital carried out the genetic analysis of relatives, as well as the search for kinship relationships.

Since September 2017, 199 individuals of the 380 exhumed since 2000 have been subjected to genetic analyses. The results to date correspond to the complete genetic profiles in 90% of the cases and nine identifications.

Keywords: forensic genetics, genetic identification, major catastrophes, Spanish Civil War, mitochondrial DNA, STR.

La identificación genética de personas en sucesos de víctimas múltiples y víctimas de desapariciones forzadas

En el mundo han surgido en determinados momentos de la historia acontecimientos que han desencadenado sucesos de víctimas múltiples. Algunos de ellos son consecuencia de la intervención humana a través de conflictos bélicos, ejecuciones extrajudiciales o sucesos relacionados con la trata de personas, sucesos accidentales, como los accidentes aéreos, y sucesos causados por fenómenos naturales, como terremotos, erupciones volcánicas o tsunamis. En cualquiera de estos casos, la genética puede resultar de gran utilidad para la identificación de estas víctimas (Djuric *et al.* 2007: 125-129; Marjanović *et al.* 2007: 513-519; Marjanović *et al.* 2015: 257-262; Ossowski *et al.* 2016: 1-5; Mohd Noor *et al.* 2017: 410; Ghaleb *et al.* 2019: 24-27).

En la mayoría de los casos, la genética se utiliza para llevar a cabo el estudio de relaciones de parentesco entre las muestras biológicas *post mortem* correspondientes a las víctimas, con muestras de referencia *ante mortem* o de familiares identificados. Pero además el análisis genético puede ayudar en la determinación del número de individuos inhumados, y la conexión entre fragmentos óseos aislados que pudieran pertenecer al mismo individuo (Mohd Noor *et al.* 2017: 410).

En Europa, son numerosos los escenarios en los que se han llevado a cabo exhumaciones de fosas comunes y enterramientos tanto de la Segunda Guerra Mundial —Bosnia-Herzegovina (Marjanović *et al.* 2015: 257-262), Eslovenia (Marjanović *et al.* 2007: 513-519; Zupanič Pajnič *et al.* 2020), Rusia (Morild *et al.* 2015: 1104-1110), Italia (Pilli *et al.* 2018: 469-478)— como de sucesos posteriores, tales como los descritos en Polonia (Ossowski *et al.* 2016: 1-5; Marjanović *et al.* 2009). También se han llevado a cabo exhumaciones relacionadas con conflictos armados más recientes como los de Serbia (Djuric *et al.* 2007: 125-129), o Libia (Ghaleb *et al.* 2019: 24-27), o en un contexto externo a Europa, por ejemplo el caso de Malasia, con sucesos relacionados con la trata de personas (Mohd Noor *et al.* 2017: 410). El factor común a todos estos fenómenos es la desaparición de personas; y en todos los casos la localización, intervención, exhumación y posteriores análisis antropológicos y genéticos de los restos humanos esqueléticos requieren de protocolos científicos de análisis específicos.

Otra característica común a todos estos escenarios es que se trata de escenarios abiertos, dado que en cualquiera de ellos el número exacto de víctimas es desconocido. No ocurre lo mismo en los escenarios cerrados, como podría ser el de un accidente aéreo, en el cual se conoce el número de víctimas (Djuric *et al.* 2007: 125-129).

El enfoque a la hora de enfrentarse a cualquiera de estos casos puede variar; se puede llevar a cabo una búsqueda directa o dirigida, cuando se conocen familiares de las víctimas interesadas en su identificación. Pero otra opción es la de la creación de bases de datos de perfiles genéticos de víctimas exhumadas, y otras bases de datos con los perfiles

genéticos de las muestras de referencia aportadas por los familiares; de modo que se puedan cruzar los datos y buscar relaciones de parentesco aleatorias entre individuos de ambas bases de datos mediante un sistema de búsqueda a ciegas (“Blind Search”), en lugar de realizarlo de forma dirigida. En la mayor parte de los casos se ha utilizado el primer enfoque; no obstante, cuando las víctimas están dispersas por un territorio amplio, y se desconoce su origen, el enfoque de la búsqueda a ciegas puede ser muy útil, y de hecho ya se ha empleado en el caso de la antigua Yugoslavia, siguiendo las recomendaciones y asistencia de la Comisión Internacional de Personas Desaparecidas (ICMP), logrando identificar por este método 136 individuos de 305 cuerpos exhumados en el año 2001 (Djuric *et al.* 2007: 125-129).

Ambos métodos no son incompatibles y, de hecho, se pueden utilizar en paralelo (Palomo-Díez *et al.* 2019: 420).

Así, por ejemplo, el grupo de Damir Marjanović, tanto en sus investigaciones en Bosnia-Herzegovina (Marjanović *et al.* 2015: 257-262) como en Eslovenia (Marjanović *et al.* 2007: 513-519) y en Polonia (Marjanović *et al.* 2009: 296-302), ha demostrado que las técnicas moleculares, basadas en la extracción de ADN con previa descalcificación de las muestras, preferiblemente dentales, y posterior amplificación de STRs (Short Tandem Repeats), es un método óptimo que ha permitido la identificación de víctimas de la Segunda Guerra Mundial después de siete décadas, obteniendo éxitos de identificación en más del 60 % de los casos.

Las cifras no son peores en el caso de las identificaciones llevadas a cabo por Andrzej Ossowky y colaboradores (2016) en el análisis de una de las fosas múltiples descubiertas en el cementerio militar de Powzaky, en Varsovia, Polonia; donde se exhumaron restos correspondientes a 8 personas, de las cuales pudieron identificarse 7 individuos; siguiendo protocolos similares a los del grupo de Marija Djuric, y basándose también en la amplificación de STRs autosómicos, complementados por STRs del cromosoma Y, y marcadores de ADN mitocondrial (Djuric *et al.* 2007: 125-129).

Por supuesto la prueba genética no siempre es la definitiva para la identificación, sino que siempre irá acompañada del resto de información aportada por los demás profesionales: arqueólogos, historiadores, médicos y antropólogos (Djuric *et al.* 2007: 125-129) y, siempre que sea posible, de los familiares.

La identificación de víctimas de la Guerra Civil Española y la posguerra. Contexto general y legislación

El 18 de julio de 1936 daría comienzo el conflicto armado de la Guerra Civil Española, que se prolongaría hasta el 1 de abril de 1939, cuando el sistema republicano se disolvió y dio paso a la dictadura franquista, que finalizaría el día 20 de noviembre de 1975 (De la Cuesta y Odriozola 2018: 3-4). Durante la Guerra Civil y especialmente en la posguerra hubo un número elevado de muertos y desaparecidos. Abordar la búsqueda, recuperación, identificación y

digna sepultura de todas esas personas es una de las mayores deudas de humanidad y justicia que tiene pendiente la democracia española consigo misma y con las familias afectadas (Etxeberria *et al.* 2020: 1-2).

Desde el año 2000 se ha dado comienzo a un proceso continuado de búsqueda, localización y exhumación de fosas, con la aplicación de métodos científicos propios de la arqueología y la antropología forense. Durante ese mismo año se creó la Asociación para la Recuperación de la Memoria Histórica (ARMH). Esta asociación, así como sus diversas variantes autonómicas y regionales, han sido promotoras y responsables de la mayoría de las exhumaciones realizadas hasta la fecha.

A partir del año 2007, fecha en la que se aprueba la Ley 52/2007, de 26 de diciembre, por la que se reconocen y amplían derechos y se establecen medidas a favor de quienes padecieron persecución o violencia durante la Guerra Civil y la dictadura (BOE n.º 3010, de 27 de diciembre de 2007), se produjo un aumento significativo del número de exhumaciones, gracias al amparo legal y al apoyo económico.

Algunas comunidades, como el País Vasco, Andalucía y Extremadura, promovieron las primeras iniciativas para liderar procesos de exhumación, presentando programas desde el 2003-2004. Fue en 2015 cuando se incorporarían la Comunidad Foral de Navarra, la Comunidad de Baleares y más tarde, en 2017, el Gobierno de Cataluña. Todo ello ha sido favorecido por el incremento de convocatorias de ayudas económicas. Desde entonces, se han ido consolidando diferentes políticas en las Comunidades Autónomas citadas.

En la citada Ley 52/2007 de 26 de diciembre, se plantean dos cuestiones fundamentales:

— La elaboración de un “mapa de fosas”, que actualmente es gestionado por el Ministerio de la Presidencia, Relaciones con las Cortes y Memoria Democrática, en el que es posible observar la localización de las fosas o lugares de enterramiento en el territorio español de las que se dispone información (<https://www.mpr.gob.es/memoriademocratica/mapa-de-fosas/Paginas/index.aspx>), representando con diferentes colores la actuación realizada sobre cada una de ellas (exhumadas, no intervenidas, desaparecidas y restos trasladados al Valle de los Caídos). A fecha de 5 de enero del 2020, dicho mapa presenta 546 fosas solo en Andalucía, de las cuales 291 no han sido intervenidas, 96 han sido exhumadas, total y parcialmente, han desaparecido 103 y 56 fueron trasladadas al Valle de los Caídos. La finalidad del mapa es que sea dinámico, de forma que pueda ir actualizándose por las diferentes aportaciones de cada una de las Comunidades Autónomas, aunque la aportación hasta el momento es bastante desigual. Para la creación del mismo han intervenido tanto asociaciones de apoyo a las víctimas y de recuperación de la memoria histórica, como universidades y determinados gobiernos autonómicos. No obstante, el inventario y censo de fosas aún es incompleto, desfasado y, por ende, no fiable (Etxeberria *et al.* 2020: 6-17). Otra cuestión problemática, es que se tiende a asociar la ubicación de una determinada fosa con la procedencia de las víctimas allí

inhumadas, lo que se presta a confusión a la hora de buscar a determinadas personas en contextos equivocados.

— La segunda cuestión que se aborda en esta Ley es la elaboración de un “Protocolo para las exhumaciones”, que, del mismo modo, se publicaría cuatro años más tarde en la Orden PRE/2568/2011, de 26 de septiembre en el BOE en forma de protocolo de actuación en exhumaciones de víctimas de la Guerra Civil y la dictadura (<https://www.boe.es/buscar/doc.php?id=BOE-A-2011-15206>).

Como último paso dentro de este proceso se ha desarrollado el Anteproyecto de Ley de Memoria Democrática, el 15 de septiembre de 2020, que literalmente indica que su objetivo es: “el reconocimiento de los que padecieron persecución o violencia, por razones políticas, ideológicas, de conciencia o creencia religiosa, de orientación e identidad sexual, durante el período comprendido entre el golpe de Estado de 1936, la Guerra Civil y la dictadura franquista hasta la promulgación de la Constitución Española de 1978. Se trata de promover su reparación moral y recuperar su memoria e incluye el repudio y condena del golpe de Estado del 18 de julio de 1936 y la posterior Dictadura”.

La finalidad última es poder establecer una base para que el proceso de exhumación, recuperación e identificación de los restos humanos se fundamente en protocolos sólidos basados en el método científico, en los que participen especialistas en las diferentes ramas de la arqueología, la medicina, la antropología y la genética. En resumen, el presente trabajo se centra en el proceso de identificación personal desde la perspectiva del análisis genético en las exhumaciones realizadas desde el año 2017 en la Comunidad Autónoma de Cataluña.

Estado general de la cuestión

Desde el año 2000 ha tenido lugar un proceso de búsqueda, localización y exhumación de fosas comunes, aplicando métodos científicos propios de la arqueología y la antropología forense.

En la figura 1 se recoge un resumen de los números de fosas intervenidas e individuos exhumados por año en toda España, desde el inicio de las intervenciones hasta el 2018, de acuerdo con los datos aportados en el informe sobre exhumaciones publicado en 2020 (Etxeberria *et al.* 2020: 18-25) (figura 1).

Si se realiza una visión general sobre el panorama nacional, se puede observar que el reparto geográfico de exhumaciones es bastante desigual, presentando los números más elevados en Castilla y León (con 1936 individuos exhumados en 233 fosas intervenidas) y Andalucía (con 1419 individuos exhumados en 126 fosas). El elevado número de víctimas en Castilla y León se debe, no solamente a un mayor número de fosas exhumadas, sino también a que el número de personas recuperadas en esas fosas también ha sido superior. En el año 2019 han destacado, sin embargo, las exhumaciones realizadas en la Comunidad Valenciana, principalmente las correspondientes al cementerio de Paterna (habiéndose exhumado 309

AÑO	NÚMERO DE FOSAS	NÚMERO DE INDIVIDUOS EXHUMADOS
2003	41	263
2004	27	91
2005	27	221
2006	29	-
2007	42	488
2008	54	450
2009	88	3225
2010	84	600
2011	64	382
2012	54	552
2013	13	48
2014	27	200
2015	42	173
2016	45	644
2017*	49	601
2018	40	609

Figura 1. Número de fosas intervenidas e individuos exhumados por año (datos obtenidos de Etxebarria *et al.* 2020). El asterisco (*) hace referencia al momento en que comienza el programa multidisciplinar de identificación de desaparecidos durante la Guerra Civil (1936-1939) y posguerra dirigido por la Direcció General de Memòria Democràtica-Departament de Justícia (Generalitat de Catalunya).

Comunidad Autónoma	N.º de desaparecidos durante la guerra y la posterior dictadura
Andalucía	42131
Castilla y León	14660
Castilla-La Mancha	8851
Madrid	3424
Asturias	6000
Comunidad Valenciana	29034
Murcia	1000
Aragón	9538
Galicia	7000
Cantabria	2535
País Vasco	1900
Navarra	3920
La Rioja	2070
Canarias	2211
Ceuta y Melilla	768
Baleares	1486
Cataluña	3338
Extremadura	9486
TOTAL	149353

Figura 2. Resumen del número de casos documentados de personas desaparecidas durante la guerra civil y la dictadura franquista (datos obtenidos de Etxebarria *et al.* 2020: 51-53).

individuos en ese mismo año), y en Andalucía, los cementerios de San Fernando y San José (Cádiz). Por su parte, en Cataluña hasta la fecha se han realizado intervenciones en 44 fosas, exhumando un total de 380 individuos (Etxebarria *et al.* 2020: 18-25).

Según el informe de exhumaciones de la guerra civil y la dictadura franquista entre el 2000 y el 2018 (Etxebarria *et al.* 2020: 18-25) a día de hoy se han intervenido un total de 785 fosas y exhumado 9698 individuos.

Una de las labores fundamentales dentro de este proceso es la elaboración, mantenimiento y actualización de las diversas bases de datos (algunas de ellas relativas al número y distribución de fosas comunes). Algunas de estas bases de datos de carácter oficial y de acceso público están recogidas en el Centro Documental de la Memoria Histórica del Ministerio de Cultura y Deporte (<http://www.culturaydeporte.gob.es/cultura/areas/archivos/mc/archivos/cdmh/bases-de-datos.html>).

Para tener una idea del número aproximado de desaparecidos existe el listado que diferentes asociaciones españolas presentaron ante los tribunales en el año 2008 con la finalidad de promover la búsqueda y recuperación de los cuerpos de los desaparecidos (figura 2).

Identificaciones genéticas realizadas en el contexto de la Guerra Civil en otras regiones de España

Algunos de los primeros estudios identificativos a partir de fosas de la Guerra Civil y la posguerra se realizaron en la Comunidad de Castilla y León, concretamente en la provincia de León, a cargo de la ARMH (Etxeberria *et al.* 2020). No obstante, se han ido realizando posteriormente en diferentes áreas geográficas. Destacan los llevados a cabo en 26 fosas comunes localizadas en el País Vasco, Navarra, Aragón, Castilla y León y Galicia, donde fueron analizados genéticamente un total de 252 restos humanos, comparándolos con 186 familiares vivos, permitiendo la identificación final de 87 de las víctimas (Baeta *et al.* 2015: 277). En este caso concreto el 14,29 % de las muestras óseas no aportaron ningún perfil genético. Los análisis fueron llevados a cabo en un laboratorio especializado en el estudio de muestras críticas, con áreas de trabajo pre-PCR y post-PCR aisladas, donde se llevó a cabo la monitorización de la contaminación con controles positivos y negativos y además se utilizaron métodos de cuantificación de ADN. Se seleccionaron preferiblemente piezas dentales o huesos largos (fémur, tibia o húmero). Las muestras de referencia de los familiares, se tomaron por frotis bucal con hisopos. Para el análisis se emplearon STRs autosómicos, siendo complementados según cada caso específico con el análisis de STRs de cromosoma Y, de cromosoma X y polimorfismos de ADN mitocondrial (Baeta *et al.* 2015: 273-274).

Otras aportaciones han enfocado los análisis hacia la utilización de las nuevas tecnologías de secuenciación masiva (Calafell *et al.* 2016: 1-19), no obstante, a día de hoy no están lo suficientemente puestas a punto para ser utilizadas sobre muestras críticas como los restos óseos y dentales propios de estos casos. Este es el caso de los análisis realizados sobre los restos humanos de 13 varones adultos exhumados de una fosa común en Gurb (Barcelona), obteniendo resultados genéticos en 8 de ellos (61 % de éxito) e identificando a uno (Calafell *et al.* 2016: 8-11).

En la mayoría de los casos se utilizan STRs autosómicos como principal herramienta para llevar a cabo las identificaciones, pero este tipo de marcador genético es más útil cuanto más directa es la relación de parentesco, padre/madre - hijo/hija, reduciéndose su eficiencia en relaciones más lejanas. Por ello, en otras ocasiones, especialmente cuando los familiares no son de primer grado, sino de segundo grado, se pueden emplear marcadores de linaje, como ADN mitocondrial y cromosoma Y. Respecto a la cuestión de la disponibilidad de familiares de primer o segundo grado, debemos destacar que cada vez es más complicado por cuestiones de edad el acceso a familiares de primer grado de las víctimas (padre/

madre/hijos/hermanos). Los STRs de cromosoma Y también han aportado importantes contribuciones, como en el caso de la fosa de Villamayor de los Montes, en Burgos (Ríos *et al.* 2010). Por otro lado, la utilización de marcadores X-InDels puede ser una potencial herramienta, que ha permitido solucionar un caso de paternidad, en el cual previamente los marcadores autosómicos habían resultado inconclusivos (Gomes *et al.* 2019: 494-495).

El estado de la cuestión en Cataluña

Tal como se recoge en el preámbulo de la ley catalana 10/2009, del 30 de junio, sobre la localización e identificación de las personas desaparecidas durante la Guerra Civil y la dictadura franquista, y la dignificación de las fosas comunes, la Generalitat debe velar por el “reconocimiento de todas aquellas personas que han sufrido persecución debido a sus opciones personales, ideológicas o de conciencia”.

Los objetivos de dicha ley son concretamente:

1. Localizar a las personas desaparecidas, para reconocer su dignidad y hacer efectivos los derechos de sus familiares a obtener información sobre su destino y si procede recuperar e identificar sus restos.
2. Señalizar y dignificar los lugares de los entierros y recuperarlos como espacios de memoria.
3. Satisfacer el derecho de la sociedad a conocer la verdad de los hechos acaecidos durante la Guerra Civil y la dictadura franquista y las circunstancias en que, durante este período, se produjeron desapariciones de personas y se cometieron vulneraciones de los derechos humanos.

De modo que dicha ley establece unas pautas básicas para cumplir estos objetivos, y además establece la creación de un comité técnico para la recuperación e identificación de personas desaparecidas durante la Guerra Civil y la dictadura franquista.

Algunos de los puntos más destacables de dicha ley, respecto a la identificación de personas desaparecidas durante y tras el conflicto, son:

- La declaración de compromiso por parte de la Administración pública catalana para la localización, recuperación e identificación de los restos mortales de las personas desaparecidas (artículos 1 y 2), así como sufragar los gastos derivados de las actuaciones para la investigación y localización de las personas inscritas en el censo de personas desaparecidas (artículo 3).
- Creación de un censo de personas desaparecidas (artículo 4).
- Elaboración de un mapa de fosas (artículo 6).
- Posibilidad de que la Administración pública catalana establezca un sistema de bancos de datos (artículo 7.7).
- El establecimiento de un comité técnico para la recuperación e identificación de personas desaparecidas durante la Guerra Civil y la dictadura franquista (artículo 12).

En 2016, se aprobó la *Resolució EXI/2948/2016, de 21 de desembre, per la qual es dona publicitat a l'Acord marc de col·laboració entre els departaments d'Afers i Relacions Institucionals i Exteriors i Transparència, de*

Salut i de Justícia per a la identificació genètica de restes òssies de persones desaparegudes durant la Guerra Civil i el franquisme, i als acords de col·laboració específica subscrits per al seu desenvolupament (16.358.032 (gencat.cat) (resolució_EXI_2948_2016 de 21 de desembre).

A fin de cumplir con esta resolución, así como con el conjunto de leyes arriba expuestas, a finales de 2016, por iniciativa y financiación de la Direcció General de Memòria Democràtica-Departament de Justícia (Generalitat de Catalunya), se inició un programa multidisciplinar de identificación de desaparecidos durante la Guerra Civil (1936-1939) y posguerra, en el territorio catalán. Programa en el que el Grupo de Genética Forense y Genética de Poblaciones de la Facultad de Medicina de la Universidad Complutense de Madrid participa en el análisis genético de los restos humanos exhumados, a través del proyecto “Servicios de localización, recuperación y análisis antropológicos y genéticos de restos óseos humanos de la Guerra Civil y la dictadura franquista (EXP. JU-24/20 GEEC JU 2020 34)”.

El proyecto, que comprende técnicas de historia, arqueología, antropología física y genética, tiene tres objetivos generales:

- a) Crear una base de perfiles genéticos de muestras de referencia de familiares de desaparecidos.
- b) Elaborar una base de datos de perfiles genéticos procedentes de restos humanos de fosas de la Guerra Civil.
- c) Comparar los resultados almacenados en ambas bases de datos para extraer conclusiones e identificar los restos con la ayuda de la información historiográfica.

La identificación genética de restos humanos se llevó a cabo mediante dos enfoques:

- a) A través del análisis comparativo de parentesco entre restos humanos y presuntos familiares vivos con información previa historiográfica (identificación directa).
- b) Mediante identificación aleatoria cruzada entre dos bases de datos de perfiles genéticos: una de desaparecidos y otra de familiares vivos (identificación aleatoria, o identificación “a ciegas”). Este tipo de enfoque ya ha sido utilizado en la identificación de restos humanos en otros contextos bélicos con la ayuda de la ICMP (Djuric *et al.* 2007).

En ambos enfoques se han analizado tanto STRs autosómicos como STRs de cromosoma Y, mientras que en casos particulares se han empleado X-InDels (Gomes *et al.* 2019) y polimorfismos de ADN mitocondrial (ADNmt). A partir del mes de agosto de 2020, y en consonancia con la nueva licitación (EXP. JU-24/20 GEEC JU 2020 34), se modificó el protocolo técnico, estableciéndose la obligatoriedad de incluir siempre los perfiles de haplotipos de ADN mitocondrial, además de los de STRs de cromosoma Y, y los STRs de autosómicos, con la finalidad de que quede registrada la mayor parte posible de información sobre marcadores de linaje en la base de datos, considerando que con el tiempo solo se podrá analizar muestras de familiares de segundo grado y no familiares directos (padre/madre/hijo/hija).

De forma previa a este programa promovido por la Generalitat de Catalunya, ya en el año 2009 la empresa ATICS realizó varias intervenciones, con la finalidad de recuperar restos de combatientes en la zona del frente del Ebro (muchos de ellos ahora ubicados en el Memorial de los Camposines, La Fatarella, Tarragona). De entre los cuales, posteriormente, hemos tomado muestras de los mejor preservados para llevar a cabo su identificación genética.

En el año 2017, ya dentro del programa de exhumaciones del programa dirigido por el Gobierno de Catalunya, se iniciaron las exhumaciones en Figuerola d’Orcau (Lleida), donde Nuria Armentano (de la empresa ATICS) dirigió la exhumación de 17 combatientes del ejército franquista. Posteriormente, las intervenciones más importantes (por su elevado número de individuos) tuvieron lugar en el cementerio del hospital de guerra localizado en Pernafeites, Miravet (Tarragona), bajo la dirección arqueológica de Sergi González de la empresa Iltirta Arqueologia SL, y la dirección antropológica de Andrea Fernández Vilela del equipo de la Universidad Autónoma de Barcelona dirigido por la Dra. Eulàlia Subirà, donde se han recuperado 99 individuos. Y el yacimiento de El Soleràs (Les Garrigues, Lleida), bajo la dirección arqueológica de Anna Camats de Iltirta Arqueologia SL, y la dirección antropológica de Núria Montes Salas y el Dr. Diego López Onaindia, también perteneciente al grupo de investigación dirigido por la Dra. Eulàlia Subirà, donde fueron exhumados 146 individuos. El número total de fosas intervenidas hasta la fecha en Catalunya es de 44, y el número de individuos exhumados, 380.

Además, gracias a la iniciativa, se ha creado un mapa oficial de fosas de la Comunidad, cuya entidad responsable es la Dirección General de Memoria Democrática (<http://fossesirepressio.cat/es/home>), en la que se ha documentado un número total de 500 fosas dentro del territorio catalán.

En la figura 3 se presenta un resumen de las fosas intervenidas hasta el año 2017, según los datos mostrados en el informe sobre las exhumaciones de la Guerra Civil y la dictadura franquista 2000-2019 editado por el Ministerio de la Presidencia, Relaciones con las Cortes y Memoria Democrática (Etxeberria *et al.* 2020: 41-42) (figura 3).

El análisis genético de restos humanos esqueletizados. Dificultades del análisis de restos humanos

A la hora de llevar a cabo la identificación personal utilizando técnicas moleculares a partir de restos humanos esqueletizados que llevan enterrados varias décadas, existen una serie de problemas, tanto desde el punto de vista analítico como desde el punto de vista de conservación del material genético.

El primer problema es respecto a las muestras de referencia de familiares disponibles. Que hayan transcurrido varias décadas desde que acontecieron los sucesos estudiados dificulta la identificación; dado que los familiares disponibles en la actualidad muchas veces ya no son familiares directos (padres, madres,

FOSA	MUNICIPIO	PROVINCIA	AÑO DE EXHUMACIÓN	NÚMERO DE INDIVIDUOS
Castellnou de Bages	Castellnou de Bages	Barcelona	1999	1
Castellbell	Castellbell	Barcelona	2001	3
Olesa de Montserrat	Olesa de Montserrat	Barcelona	2004	2
Puigvistós (Prats de Lluçanès)	Osona	Barcelona	2004	7
Gurb (Can Cadet)	Osona	Barcelona	2008	13
Barranc de les Vimenoses	Corbera d'Ebre	Tarragona	2010	3
Carbonelles (Granadella)	La Granadella	Lleida	2010	1
Coll de Coso	Corbera d'Ebre	Tarragona	2010	4
Corbera d'Ebre	Corbera d'Ebre	Tarragona	2010	1
Gandesa (Pou del Baró)	Gandesa	Tarragona	2010	4
La Fatarella	La Fatarella	Tarragona	2010	2
La Pobla de Massaluca (Lo Molló)	La Pobla de Massaluca	Tarragona	2010	2
Mas de Prades	Ascó	Tarragona	2010	1
Mas Torrenova	Vilalba dels Arcs	Tarragona	2010	6
Matalacabra i Tolls	Granadella	Lleida	2010	2
Plaza de La Fatarella	La Fatarella	Tarragona	2010	1
Seròs	Seròs	Lleida	2010	3
Serra de la Vall de la Torre	Corbera d'Ebre	Tarragona	2010	3
Corbera d'Ebre	Corbera d'Ebre	Tarragona	2011	1
Flix	Flix	Tarragona	2011	1
La Sènia de Terratrèmol	Benissanet	Tarragona	2011	1
Llimiana (Pallars Jussà)	Llimiana	Lleida	2011	2
Raimats	La Fatarella	Tarragona	2011	1
Sant Julià de Ramis	Sant Julià de Ramis	Girona	2011	2
Serra de Valfogones	Corbera d'Ebre	Tarragona	2011	7
Serrat de la Casilla	Gavet de la Conca	Lleida	2011	2
La Febró (Serrat de la Voltorra)	Capafonts	Tarragona	2012	1
Camposines	Corbera d'Ebre	Tarragona	2014	1
Olesa de Bonesvalls (Serra de Riés)	Olesa de Bonesvalls	Barcelona	2014	4
Cirera del Ros	Corbera d'Ebre	Tarragona	2015	3
Mas d'en Blai	Corbera d'Ebre	Tarragona	2015	1
Mas del Puig-Puigdessalit	Torelló	Barcelona	2015	1
Olesa de Bonesvalls (Serra de Riés)	Olesa de Bonesvalls	Barcelona	2015	3
Vall dels Horts	Corbera d'Ebre	Tarragona	2015	1
Camí Vell de la Pobla	Vilalba dels Arcs	Tarragona	2016	1
Vinya de la Cirera del Ros	Vilalba dels Arcs	Tarragona	2016	3
Cassà de la Selva (Gironès)	Cassà de la Selva	Girona	2017	1
Figuerola d'Orcau (Pallars Jussà)	Figuerola d'Orcau	Lleida	2017	17
La Noguera	Vilanova de Meià	Lleida	2017	3
Miravet (Pernafeites de Miravet)	Miravet	Tarragona	2017	99
Sant Sebastià (Prats de Lluçanès)	Osona	Barcelona	2017	14
Sant Andreu de Llanars	Osona	Barcelona	2017	4
El Soleràs (Les Garrigues)	El Soleràs	Lleida	2017	146
Tremp	Tremp	Lleida	2017	1
TOTAL	44			380

Figura 3. Fosas comunes intervenidas en Cataluña hasta el año 2017 (Etxeberria *et al.* 2020).

hijos o hijas), sino que, por lo general, y cada vez más a medida que transcurre el tiempo, se trata de familiares de segundo o tercer grado (sobrinos/as, nietos/as, etc.). Esto dificulta la investigación, dado que los STRs autosómicos, marcadores más empleados a la hora de llevar a cabo identificaciones, pierden mucha resolución en este tipo de relaciones de parentesco más lejanas. Por lo cual, es obligado utilizar otros marcadores, concretamente marcadores de linaje,

tales como el ADN mitocondrial o el cromosoma Y. Sin embargo, este tipo de marcadores no permite establecer el tipo de relación de parentesco sino tan solo confirmar o descartar que pertenezca a ese linaje familiar. En relación con los tipos de parentesco más frecuentes que se han encontrado en la Comunidad Autónoma de Cataluña en las investigaciones realizadas entre los años 2017 y 2020, en la figura 4 es posible observar la proporción de cada uno de ellos.

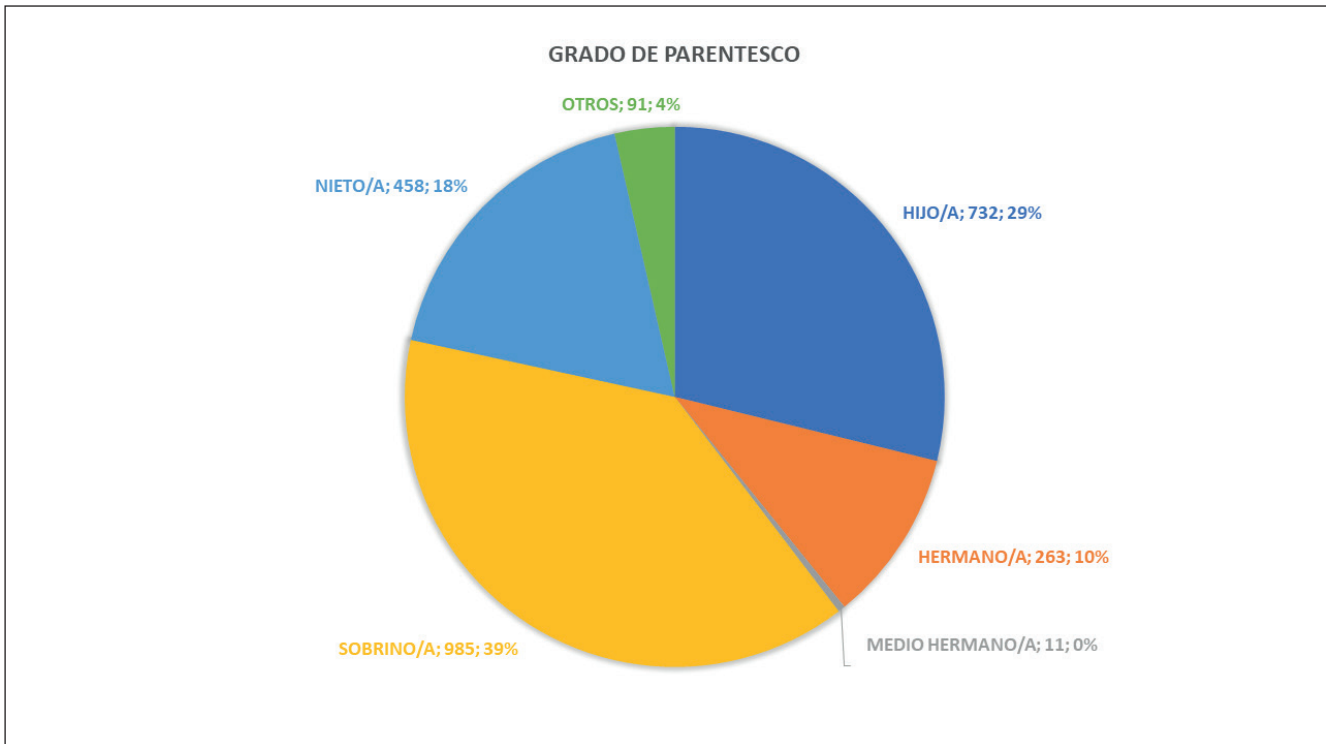


Figura 4. Proporción de tipos de parentescos familiares más frecuentemente empleados para la identificación de las víctimas (elaboración propia).

Un segundo problema se relaciona con la procedencia geográfica de los posibles restos humanos estudiados. En este momento los estudios llevados a cabo se están realizando comparando los restos humanos con los presuntos familiares que viven en Cataluña. Sin embargo, lo más adecuado sería un estudio a nivel nacional, comparando el perfil genético de todas las víctimas con una base de datos de posibles familiares de todo el territorio nacional.

El tercer problema, pero no menos importante, es el estado de conservación de los restos humanos a analizar. Las condiciones ambientales (tipo de suelo, pH, humedad, temperatura, presencia de microorganismos, presencia de determinados agentes químicos, etc.) en las que los restos se hayan encontrado depositados durante todo este tiempo, juegan un papel fundamental en la preservación de la materia orgánica (Higgins y Austin 2013), y por ende en la conservación de las moléculas de ADN. Los principales problemas a los que se enfrenta la identificación genética en este sentido serán la escasez de moléculas de ADN, la fragmentación de las cadenas de ADN, el daño molecular y la infiltración de sustancias exógenas que pueden ser inhibidoras de la PCR (Reacción en cadena de la polimerasa) u otras moléculas de ADN contaminante (Palomo-Díez 2015: 17-20).

Por todas estas razones, a la hora de enfrentarnos a este tipo de estudios se deben seguir una serie de criterios de autenticidad que garanticen la solidez de los resultados estudiados (Poinar *et al.* 2003; Pääbo *et al.* 2004; Parson *et al.* 2014).

Precauciones y recomendaciones sobre los estudios de identificación genética de víctimas de grandes catástrofes y en concreto de la Guerra Civil Española

Para solventar los problemas expuestos en el punto anterior, se han establecido una serie de recomendaciones por parte de diferentes organismos especializados en genética forense e identificaciones humanas. A continuación, se exponen las principales estrategias recogidas en seis puntos:

Selección y obtención de muestras de referencia de familiares de desaparecidos

La selección y obtención de muestras de referencia de familiares de desaparecidos se debe realizar por personal cualificado, atendiendo a lo dispuesto en el documento titulado “Recomendaciones para la recogida y envío de muestras con fines de identificación genética” del Grupo de Habla Española y Portuguesa de la Sociedad Internacional de Genética Forense (GHEP-ISFG) (Madeira, Portugal), 2 de junio de 2002) y el documento de “Recomendaciones para la recogida y remisión de muestras con fines de identificación genética en grandes catástrofes (GHEP-ISFG, 20 de junio de 2007)”. Además, también se tendrá en cuenta el Real Decreto 32/2009, de 6 de febrero de 2009, que recoge el protocolo nacional de actuación médico-forense y de Policía

científica en sucesos con víctimas múltiples (BOE de 6 de febrero de 2009).

De forma previa a la recogida de muestras, es fundamental que un especialista en genética, que conozca los diversos tipos de parentesco analizables, realice una selección de los familiares más apropiados de acuerdo a los distintos tipos de herencia de los diferentes marcadores genéticos que se puedan emplear. Es un hecho que se trata de relaciones de parentesco cada vez más lejanas, reduciéndose cada vez más los casos de hijos o hijas de las víctimas que aún vivan; lo cual obliga a seleccionar a familiares con, al menos, un salto generacional, tratándose por lo general de nietos/as o sobrinos/as.

De forma previa a la toma de muestra de familiares, los mismos deberán firmar el correspondiente consentimiento informado, así como cumplimentar un formulario donde consten los datos identificativos de la muestra y el donante y su relación de parentesco con el desaparecido. A esta documentación le acompañará simultáneamente la cadena de custodia. En el informe sobre las exhumaciones de la Guerra Civil y la dictadura franquista entre los años 2000-2019 se propone un modelo de documento para recoger esta información (Etxeberria *et al.* 2020).

Además, se sugiere que dichos documentos, así como los *kits* genéticos, deberían ser consensuados a nivel nacional por las diferentes Comunidades Autónomas. Además, es necesario recoger toda la documentación en un registro electrónico centralizado, en el que cada grupo familiar se identifique con un número de expediente (Etxeberria *et al.* 2020: 160).

La selección y obtención de muestras óseas/dentales en restos exhumados

Para ello también se tendrán en cuenta las recomendaciones expuestas anteriormente (GHEP-ISFG, 2002 y 2007; BOE de 6 de febrero de 2009) y la Orden PRE/2568/2011, de 26 de septiembre, Protocolo de actuación en exhumaciones de víctimas de la Guerra Civil y la Dictadura. Las recomendaciones indican que las muestras que se seleccionen serán prioritariamente:

- Dos o más piezas dentales que no hayan experimentado intervenciones odontológicas y no presenten caries ni fracturas. Conservándose lo más íntegramente posible, y conservando un color lo más parecido al color natural *in vivo*. Además, se seleccionarán preferiblemente aquellas piezas de mayor tamaño, siempre que cumplan las condiciones anteriormente mencionadas (GHEP-ISFG, 2002 y 2007).
- En caso de no disponer de piezas dentales, se seleccionará una porción de tejido óseo compacto procedente de la diáfisis de un hueso largo (GHEP-ISFG, 2002 y 2007).

No obstante, estudios más recientes defienden que la pieza esquelética que ofrece mayores garantías de éxito es la porción petrosa del hueso temporal (Pilli *et al.* 2018: 477).

En cualquier caso, siempre se seleccionarán al menos dos muestras por cada individuo, con la finalidad de realizar el análisis por duplicado, y así poder replicar los resultados.

Las piezas seleccionadas deben dejarse secar (en el caso de que presenten humedad) antes de ser guardadas

en un sobre o bolsa de papel; y posteriormente conservadas en el laboratorio a -20 °C hasta el momento de su procesamiento (GHEP-ISFG, 2002 y 2007).

Del mismo modo que las muestras de los familiares, las muestras de las víctimas también deben ir acompañadas de un formulario de toma de muestras *post mortem*, donde conste la descripción de las muestras, sus códigos de identificación, el código de identificación de la víctima y los aspectos relativos a la cadena de custodia (Anexo VII.2 del Real Decreto 32/2009), 6 de febrero de 2009, Protocolo nacional de actuación médico-forense y de Policía Científica en sucesos con víctimas múltiples, BOE del 6 de febrero de 2009.

Además, a lo largo de todo el proceso de selección y recogida de muestras deberán mantenerse todas las condiciones necesarias para asegurar la preservación y minimizar la posibilidad de contaminación; garantizando la integridad de la muestra y la información asociada.

Análisis de ADN: marcadores de ADN

En el caso de disponer de muestras de referencia de familiares directos el análisis genético se basará en primer lugar en el estudio de marcadores STR autosómicos, y concretamente en los marcadores incluidos en el estándar de la Unión Europea (Resolución de 30 de noviembre de 2009 relativa al intercambio de resultados de análisis de ADN (2009/C296/01)) del Consejo de Europa y en el nuevo estándar CODIS del Departamento de Justicia de EE. UU., así como otros STR validados en el ámbito forense.

En función del tipo de familiar de referencia del que se disponga serán necesarios otros análisis complementarios, que pueden ser STR de cromosoma Y o de cromosoma X, así como marcadores del ADN mitocondrial, variando en función de cada caso particular.

Además, teniendo en cuenta que en muchas ocasiones nos vamos a enfrentar a situaciones en las que el ADN puede encontrarse en mal estado de preservación, siendo escaso y fragmentado, se recomienda la utilización de *kits* que amplifiquen mini-STRs, así como el análisis de otros tipos de polimorfismos, tales como los InDels, por presentar tamaños moleculares inferiores a los STR, garantizando mejores resultados cuando el ADN es escaso y/o fragmentado.

La creación de una base de datos nacional de ADN de la memoria histórica

Se considera necesaria la creación de una base de datos nacional de "ADN de Memoria Histórica", que permita coordinar a nivel nacional las diferentes iniciativas desarrolladas por las distintas Comunidades Autónomas, de forma que exista un repositorio de perfiles de ADN común. Para ello, se recomienda la utilización de sistemas informáticos que garanticen el intercambio seguro en red con diversos nodos autonómicos y un nodo estatal. Además, debe permitir la búsqueda de perfiles, así como de árboles familiares y diferentes tipos de herencia (por los diferentes tipos de polimorfismos empleados), y que incluya un sistema

simultáneo de análisis estadístico de coincidencias y compatibilidades. A su vez, por supuesto, deberá ajustarse a lo establecido en la normativa de Protección de Datos de Carácter Personal y en su Reglamento de desarrollo (Informe sobre Exhumaciones de la Guerra Civil y la dictadura franquista 2000-2019). Este enfoque ya se ha utilizado en otros contextos, como en Serbia, según las recomendaciones de la ICMP (Djuric *et al.* 2007: 126-128).

El establecimiento de unos criterios de interpretación y comunicación de compatibilidades

La valoración estadística de las compatibilidades observadas siempre debe realizarse mediante el cálculo de índices de paternidad o índices de parentesco en forma de razones de verosimilitud o LR (Likelihood Ratio). Siguiendo las recomendaciones propuestas por la ISFG, la Comisión Nacional para el uso del ADN, así como otros organismos tales como el ENFSI o el SWGDAM.

En cualquier caso, siempre se recomienda utilizar bases de datos poblacionales apropiadas, tanto para marcadores autosómicos como haplotípicos, y un umbral estadístico mínimo para acordar grupos familiares compatibles (apartado 6 de las recomendaciones de la Comisión de ADN de la ISFG; Prinz *et al.* 2007: 10).

De cualquier modo, la identificación final de cada víctima deberá realizarse mediante un informe en el cual se realice una evaluación conjunta e integrada de todos los resultados obtenidos en las diferentes especialidades forenses (antropología, odontología, genética, etc.) y no exclusivamente la genética. De hecho, todo tipo de información puede ser relevante. Por ejemplo, en ciertos casos las características odontológicas específicas de algunos individuos pueden ser relevantes para la identificación (Ghaleb *et al.* 2019: 25).

Cumplimiento de los principales criterios de autenticidad para el análisis de muestras críticas

Además de las recomendaciones arriba expuestas, es necesario seguir una serie de pautas que garanticen la fiabilidad de los resultados (Poinar *et al.* 2003). El grupo de Genética Forense de la UCM sigue las siguientes pautas en el estudio de las muestras de la guerra civil:

- El análisis genético de las muestras óseas/dentales debe realizarse en un laboratorio especializado en el análisis de muestras críticas.
- Las áreas de trabajo pre-PCR y post-PCR deben estar físicamente separadas, y la circulación entre ellas debe ser unidireccional.
- El acceso a las salas de trabajo debe estar restringido a un número mínimo de trabajadores, que accederán a las mismas con vestuario exclusivo y protección adecuada (doble guante, mascarilla, buzo, cubre-zapatos y gafas).
- Las salas o laboratorios deben estar dotados de luz UV y deben limpiarse sus superficies y materiales de forma periódica con lejía diluida.

- Los materiales e instrumental utilizados en cada una de las áreas de trabajo deben ser exclusiva de esa área y no intercambiables entre ellas.
- Se procesan controles negativos tanto durante el proceso de extracción de ADN como durante la amplificación por PCR.
- El procesamiento de cada muestra se lleva a cabo por un único investigador, para minimizar las posibles fuentes de contaminación con ADN exógeno.
- De forma previa a la extracción de ADN se elimina la capa externa de la pieza dental u ósea.
- El proceso experimental debe llevarse a cabo por duplicado, a partir de al menos dos muestras del mismo individuo que se procesarán de forma independiente (y preferiblemente por diferentes investigadores) para así comprobar que el resultado final es reproducible, aportando más fiabilidad y solidez a nuestros datos.

Protocolo empleado para la identificación genética de las víctimas dentro del programa Dignitat en Catalunya entre los años 2017 y 2020

El procedimiento de trabajo comprende técnicas de antropología física, arqueología, historia y genética, mostrando así la naturaleza intrínsecamente multidisciplinar del equipo.

Para la identificación de los familiares vivos se ha llevado a cabo un censo de familias de desaparecidos en el que se registran de manera voluntaria los interesados. En cada caso se lleva a cabo una investigación exhaustiva para determinar las circunstancias de la muerte y el posible lugar de enterramiento de los fallecidos.

Una vez inscritos se ha remitido a los voluntarios una carta informativa sobre la posibilidad de realizar un estudio genético. En la carta aparecía la información de contacto del servicio de genética del Hospital Vall d'Hebron (Barcelona, España), que es donde se toman las muestras genéticas de los familiares mediante hisopado bucal y donde se realiza el posterior análisis genético. El hospital es el responsable de la creación de las bases de datos, así como de su custodia y mantenimiento. Hasta el 4 de enero de 2021 aparecían 6010 familias registradas y 2460 muestras recogidas para el estudio genético. En la actualidad se dispone de 2410 genotipos de STRs autosómicos (obtenidos mediante GlobalFiler™ PCR Amplification Kit, ThermoFisher™ Scientific, Foster City, EE. UU.) correspondientes a familiares vivos, así como perfiles de STR de cromosoma Y (obtenidos mediante Y-Filer™ Plus, ThermoFisher™ Scientific, Foster City, EE. UU.) en caso de disponer de linaje paterno (512) y ADN mitocondrial cuando se dispusiera de linaje materno (386) (mediante Amplification Kit Multiplex PCR de Qiagen).

Actualmente, la investigación arqueológica es coordinada por la empresa Iltirta Arqueología S. L. (Lleida, España) que a través de distintos grupos de trabajo sobre el terreno realiza la excavación y exhumación de los restos humanos. La empresa además recaba datos históricos sobre los posibles lugares de enterramiento y las características de las personas enterradas, reuniendo datos tanto historiográficos como orales.

La selección de restos y la toma de muestras biológicas está siendo realizada por la Unitat d'Antropologia Biològica de la Universitat Autònoma de Barcelona en el lugar de enterramiento. En el proceso, esta unidad registra descriptiva y fotográficamente todos los detalles acerca de la posición de enterramiento de los restos, así como otros datos concernientes a la inhumación, descomposición y posibles lesiones *perimortem*. Los restos son posteriormente trasladados al laboratorio de antropología de la Universitat Autònoma de Barcelona. Allí se determina la estatura (Krogman e Iskan 1986), el sexo (Iskan *et al.* 1984; Krogman e Iskan 1986; Lovejoy *et al.* 1985; Scheuer y Black 2004), la edad en el momento de la muerte (Ferebach *et al.* 1980), los posibles signos paleopatológicos y traumatismos (Kimmerle y Baraybar 2008; Reichs 1998), así como posibles patologías orales (Chimenos *et al.* 1999). Finalmente, se seleccionan las muestras destinadas al análisis de ADN de acuerdo con los criterios establecidos por Palomo-Díez *et al.* (2016), tomando dos restos óseos por cada individuo (hasta el momento un total de 398 muestras, correspondientes a 199 individuos), mayoritariamente piezas dentales.

Las pruebas genéticas se llevan a cabo en dos laboratorios: el Laboratorio de Genética Forense y Genética de Poblaciones del Departamento de Medicina Legal, Psiquiatría y Patología de la Facultad de Medicina de la Universidad Complutense de Madrid (Laboratorio 1) y el Laboratori d'ADN antic, de la Universitat Autònoma de Barcelona, en colaboración con la Universitat Pompeu Fabra de Barcelona (Laboratorios 2-3).

En los dos grupos, y previo al análisis genético, se fotografian las muestras. En el Laboratorio 1, el ADN fue extraído mediante el protocolo descrito por Palomo-Díez (Palomo-Díez *et al.* 2018: 1-2) sobre 73 muestras. En los 325 restantes, el ADN fue extraído por un procedimiento no destructivo de acuerdo con Gomes *et al.* (2015: 279-282). Esta segunda metodología permite devolver los restos a las familias para su posterior inhumación, y es la que se está empleando en la actualidad. Los laboratorios 2-3 llevan a cabo la extracción de ADN de acuerdo con el protocolo de Rohland *et al.* (2018).

Los polimorfismos de STRs autosómicos y de cromosoma Y están siendo amplificados con GlobalFiler™ PCR Amplification Kit e Y-Filer™ Plus PCR Amplification Kit, respectivamente (ThermoFisher™ Scientific, Foster City, EE. UU.), de acuerdo con las indicaciones del fabricante. Los amplicones son analizados en un Applied Biosystems Sequencer 3500 (ThermoFisher™ Scientific, Foster City, EE. UU.). En cuanto al ADN mitocondrial, se amplifican cuatro fragmentos solapantes de las regiones Hipervariables I y II, mediante la utilización del Kit multiplex PCR de Qiagen, y los primeros diseñados por Fernández 2005 y Martínez-Labarga.

Se realiza una amplificación en cada muestra de ADN, a fin de tener dos genotipos independientes de cada individuo. En aquellos casos en que no cumplían los criterios del laboratorio respecto a la asignación de alelos se lleva a cabo una tercera e incluso una cuarta amplificación.

Los genotipos de las muestras óseas o dentales son cotejados con los de la base de datos de familiares, del Hospital de la Vall d'Hebron, de acuerdo

con la estrategia directa o aleatoria, utilizando la herramienta DVI (Disaster Victim Identification) del *software* Familias v. 3.2 (Kling *et al.* 2014: 121-127).

Tras la comparación con los resultados de la base de datos de los familiares, hasta la fecha, ha sido necesaria la ampliación del estudio con el análisis de polimorfismos de cromosoma X (X-InDels de acuerdo con Pereira *et al.* 2012: 95-105) en dos casos y/o de ADN mitocondrial en otros tres casos.

Resultados obtenidos entre 2017 y 2020

Hasta diciembre de 2020 se genotiparon un total de 199 individuos para STRs autosómicos, mediante GlobalFiler™ PCR Amplification Kit (ThermoFisher), e Y-STRs mediante Y-Filer™ Plus PCR Amplification Kit (ThermoFisher™ Scientific, Foster City, EE. UU.). Los resultados, hasta esa fecha, se compararon con datos actuales de 2540 genotipos de GlobalFiler™ PCR Amplification Kit correspondientes a familiares vivos, así como perfiles de Y-Filer™ Plus en caso de disponer de linaje paterno (512) y ADN mitocondrial cuando se disponía del linaje materno (386). Por lo que en el marco de este nuevo programa de identificación (2017-2020) se ha llevado a cabo el tipaje genético de 199 de los 380 exhumados desde el año 1999 hasta la actualidad.

Hasta diciembre de 2020 se han identificado nueve desaparecidos: cuatro fueron identificados por la estrategia directa (que incluyó Y-STRs y ADNmt en dos casos) y los cinco restantes mediante la estrategia aleatoria, no siendo necesaria la evidencia historiográfica previa. En todos los casos, *a posteriori*, se realiza una revisión de toda la información de carácter histórico y genealógico, a fin de buscar una consistencia entre todos los datos, siempre desde un abordaje multidisciplinar de historia, antropología forense y genética, para llegar a resultados concluyentes. Respecto a las dos estrategias utilizadas, los resultados demuestran que ambas fueron igualmente útiles, dependiendo del caso.

Respecto al estado de preservación del ADN, de acuerdo con los resultados del Laboratorio 1, las muestras presentaron en general un aceptable estado de preservación (Palomo-Díez *et al.* 2019: 420-421). El porcentaje de éxito (obteniendo un perfil genético de entre 14 y 24 marcadores autosómicos) ha sido aproximadamente del 90 %.

No obstante, desde agosto de 2020 también se está trabajando de forma rutinaria en el análisis de polimorfismos de ADN mitocondrial, para poder afrontar aquellos casos en los que la información relativa al linaje materno puede resultar interesante.

Conclusiones

Los resultados demuestran que tanto la estrategia aleatoria como la directa fueron igualmente útiles, dependiendo del caso. Así mismo, las muestras analizadas poseen un buen estado de preservación, siendo posible la obtención de perfiles genéticos en el 90 % de los individuos analizados. Sin embargo, estas conclusiones no deberán ser extrapoladas a otras partes del territorio español, ya que las condiciones ambientales y físico-químicas del suelo no son las mismas que las

que han contribuido a la preservación del material genético de las muestras aquí estudiadas.

Para la continuación del estudio, es necesario proseguir con la ampliación de la base de datos de familiares vivos.

La tendencia futura deberá consistir en focalizar en primer lugar los análisis en los marcadores de linaje (cromosoma Y y ADN mitocondrial), dado que con el paso del tiempo es cada vez menos posible disponer de descendientes cercanos vivos (padre-hijo/hija). Estos marcadores, por un lado, pueden ayudar a encontrar familiares pertenecientes al mismo linaje; y por otro lado, permiten el descarte directo de un parentesco, lo que muchas veces no es posible utilizando STR autosómicos. De este modo, se podría realizar una primera aproximación mediante marcadores de linaje, y cuando se detecte una posible relación de parentesco a través de estos, el empleo de marcadores autosómicos, cromosoma X o InDels puede contribuir a esclarecer o descartar el parentesco.

Además, sería necesaria, tal como ya han recomendado algunos especialistas, la creación de una base de datos nacional (y no exclusivamente a nivel autonómico) que permita el intercambio de datos tanto de exhumados como de potenciales familiares, para de este modo poder incrementar el número de identificaciones; dado que muchos de los familiares de las víctimas inhumadas en una región concreta no se encuentran próximos a dicha región; o incluso las víctimas podrían proceder de otras regiones de España relativamente alejadas de la región donde fueron inhumadas.

Sara Palomo-Díez

Laboratorio de genética forense y genética de poblaciones,
Departamento de Medicina Legal, psiquiatría y patología,
Facultad de Medicina, Universidad Complutense de Madrid,
España. Avda. Complutense s/n, CP 28040 (Madrid, Spain).
Grupo de Ciencias Forenses: Genética y toxicología forense,
Instituto de Investigación Sanitaria del Hospital Clínico San
Carlos (IdISSC), Madrid, Spain
Universidad Internacional de La Rioja,
Avda. de la Paz, Logroño, Spain.
sarapalomodiez@med.ucm.es

Cláudia Gomes

Laboratorio de genética forense y genética de poblaciones,
Departamento de Medicina Legal, psiquiatría y patología,
Facultad de Medicina, Universidad Complutense de Madrid,
España. Avda. Complutense s/n, CP 28040 (Madrid, Spain).
Grupo de Ciencias Forenses: Genética y toxicología forense,
Instituto de Investigación Sanitaria del Hospital Clínico San
Carlos (IdISSC), Madrid, Spain
Universidad Internacional Isabel I, Burgos, Spain.
clopes01@ucm.es

Ana María López-Parra

Laboratorio de genética forense y genética de poblaciones,
Departamento de Medicina Legal, psiquiatría y patología,
Facultad de Medicina, Universidad Complutense de Madrid,
España. Avda. Complutense s/n, CP 28040 (Madrid, Spain).
Grupo de Ciencias Forenses: Genética y toxicología forense,
Instituto de Investigación Sanitaria del Hospital Clínico San
Carlos (IdISSC), Madrid, Spain
amlopezparra@med.ucm.es

Ivon Cuscó

Área de genética clínica y molecular
del Hospital Vall Hebron, Barcelona, Spain
46579087q@vhebron.net

Eduardo Tizzano

Área de genética clínica y molecular
del Hospital Vall Hebron, Barcelona, Spain
etizzano@vhebron.net

María Eulalia Subirá

GREAB, Unitat d'Antropologia Biològica, Facultat de
Biociències, Universitat Autònoma de Barcelona, Spain
eulalia.subira@uab.cat

Andrea Fernández Vilela

GREAB, Unitat d'Antropologia Biològica, Facultat de
Biociències, Universitat Autònoma de Barcelona, Spain
andrea.fernandez.vilela@gmail.com

Núria Montes

GREAB, Unitat d'Antropologia Biològica, Facultat de
Biociències, Universitat Autònoma de Barcelona, Spain
nuriamontessalas@gmail.com

Diego López Onaindia

GREAB, Unitat d'Antropologia Biològica, Facultat de
Biociències, Universitat Autònoma de Barcelona, Spain
diego20lopez@gmail.com

Assumpció Malgosa

GREAB, Grup de Recerca en Antropologia Biològica.
Universitat Autònoma de Barcelona, Spain.
assumpcio.malgosa@uab.cat

Diana Vinueza

GREAB, Grup de Recerca en Antropologia Biològica.
Universitat Autònoma de Barcelona, Spain.
diana.vinueza@outlook.com

Cristina Santos

GREAB, Grup de Recerca en Antropologia Biològica.
Universitat Autònoma de Barcelona, Spain.
cristina.santos@uab.cat

Ferran Casals

Departament de Ciències Experimentals i de la Salut.
Universitat Pompeu Fabra, Barcelona, Spain.
ferran.casals@upf.edu

Anna Camats

Itirta Arqueologia SL, Corbins, Spain
Direcció General de Memòria Democràtica, Departament de
Justícia, Generalitat de Catalunya, Barcelona, Spain
acamats353@gmail.com

Enric Tartera

Itirta Arqueologia SL, Corbins, Spain
Direcció General de Memòria Democràtica, Departament de Justícia, Generalitat
de Catalunya, Barcelona, Spain
etartera@gmail.com

Eduardo Arroyo-Pardo

Laboratorio de genética forense y genética de poblaciones,
Departamento de Medicina Legal, psiquiatría y patología,
Facultad de Medicina, Universidad Complutense de Madrid,
España. Avda. Complutense s/n, CP 28040 (Madrid, Spain).
Grupo de Ciencias Forenses: Genética y toxicología forense,
Instituto de Investigación Sanitaria del Hospital Clínico San
Carlos (IdISSC), Madrid, Spain
eduardoa@ucm.es

Data de recepció: 25/02/2021
Data d'acceptació: 28/04/2021

Bibliografía

- BAETA, M., NÚÑEZ, C., CARDOSO, S., PALENCIA-MADRID, L., HERRASTI, L., ETXEBERRIA, F., PANCORBO, M. M. (2015). Digging up the recent Spanish memory: genetic identification of human remains from mass graves of the Spanish Civil War and posterior dictatorship. *Forensic Science International: Genetics*, 19: 272-279.
- CALAFELL, F., ANGLADA, R., BONET, N., GONZÁLEZ-RUÍZ, M., PRATS-MUÑOZ, G., RASAL, R., LALUEZA-FOX, C., BERTRANPETIT, J., MALGOSA, A., CASALS, F. (2016). An assessment of a massively parallel sequencing approach for the identification of individuals from mass graves of the Spanish Civil War (1936-1939). *Electrophoresis*, 37, 21.
- CHIMENOS, E., SAFONT, S., ALESAN, A., ALFONSO, J., MALGOSA, A. (1999). Propuesta de protocolo de valoración de parámetros en paleodontología. *Gaceta Dental*, 102: 44-53.
- DE LA CUESTA, J. L., ODRIÓZOLA, M. (2018). Marco normativo de la memoria histórica en España: legislación estatal y autonómica. *Revista Electrónica de Ciencia Penal y Criminología*, 20-08. ISSN 1695-0194.
- DJURIC, M., DUNKIC, D., DJONIC, D., SKINNER, M. (2007). Identification of victims from two mass-graves in Serbia: A critical evaluation of classical markers of identity. *Forensic Science International*, 172: 125-129.
- ENFSI guideline for evaluative reporting in forensic science. *Strengthening the evaluation of forensic results across Europe* (STEOFRAE).
- ETXEBERRIA, F. (ed.) (2020). *Las exhumaciones de la Guerra Civil y la dictadura franquista 2000-2019. Estado actual y recomendaciones de futuro*. Administración General del Estado. Ministerio de la Presidencia, Relaciones con las Cortes y Memoria Democrática.
- FEREMBACH, D., SCHWIDETZKY, I., STLOUKAL, M. (1980). Recommendations for age and sex diagnoses of skeletons. *Journal of Human Evolution*, 9: 517-549.
- FERNÁNDEZ, E. (2005). Polimorfismos de ADN mitocondrial en poblaciones antiguas de la Cuenca mediterránea. Doctoral dissertation. Universitat de Barcelona. Barcelona.
- GHALEB, S. S., ELWAHAB HASSAN, D. A., ELROBY, F. A., MOGASSABI, K.R., ALEMAN, A. A. (2019). Identification of victims from mass grave discovery near Benghazi, Libya. *Journal of Forensic and Legal Medicine*, 67: 24-27.
- GJERTSON, D. W., BRENNER, C. H., BAUR, M. P., CARRACEDO, A., GUIDEN, F., LUQUE, J. A., LESSIG, R., MAYR, W. R., PASCALI, V. L., PRINZ, M., SCHNEIDER, P. M., MORLING, N. (2007). ISFG: Recommendations on biostatistics in paternity testing. *Forensic Science International: Genetics*, 1, 3-4: 223-231.
- GOMES, C., PALOMO-DÍEZ, S., ROIG, J., LÓPEZ-PARRA, A. M., BAEZA-RICHER, C., ESPARZA-ARROYO, A., GIBAJA BAO, J., ARROYO-PARDO, E. (2015). Nondestructive extraction DNA method from bones or teeth, true or false? *Forensic Science International: Genetics*, 5: E279-E282.
- GOMES, C., PALOMO-DÍEZ, S., BAEZA-RICHER, C., LÓPEZ-PARRA, A., CUSCÓ, I., GARCIA-ARUMÍ, E., TIZZANO, E., FERNÁNDEZ-VILELA, A., LÓPEZ-ONAINDIA, D., VIDAL AIXALÀ, A., ESCALA ABAD, O., DOMENECH CASADEVALL, G., CUÉLLAR GISBERT, J., ARROYO-PARDO, E. (2019). X-InDels efficacy evaluation in a critical samples paternity case: A Spanish Civil War case from the memorial of the Camposines (Tarragona, Spain). *Forensic Science International: Genetics Supplement Series*, 7 (1): 494-495.
- ISCAN, M. Y., LOTH, S. R., WRIGHT, R. K. (1984). Metamorphosis at the sternal rib end: A new method to estimate age at death in white males. *American Journal of Physical Anthropology*, 65 (2): 147-156.
- KIMMERLE, E. H., BARAYBAR, J. (2008). *Skeletal Trauma: Identification of Injuries Resulting From Human Rights Abuse and Armed Conflict*. Crc Press. Florida.
- KLING, D., TILLMAR, A. O., EGELAND, T. (2014). Familias 3-Extensions and new functionality. *Forensic Science International: Genetics*, 13: 121-127.
- KROGMAN, W., ISCAN, M. (1986). *The Human Skeleton In Forensics Medicine*. C. C. Thomas Publications. Springfield.
- Ley 10/2009, de 30 de junio, sobre la localización e identificación de las personas desaparecidas durante la Guerra Civil y la dictadura franquista, y la dignificación de las fosas comunes.
- LOVEJOY, C. O., MEINDL, R. S., PRYZBECK, T. R., MENSFORTH, R. P. (1985). Chronological metamorphosis of the auricular surface of the ilium: A new method for the determination of age at death. *American Journal of Physical Anthropology*, 68: 15-28.
- MARJANOVIC, D., DURMIC-PASIC, A., BAKAL, N., HAVERIC, S., KALAMUJIC, B., KOVACEVIC, L., RAMIC, J., POJSKIC, N., SKARO, V., PROJIC, P., BAJROVIC, K., HADZISELIMOVIC, R., DROBNIC, K., HUFFINE, E., DAVOREN, J., PRIMORAC, D. (2007). DNA Identification of Skeletal remains from World War II mass graves uncovered in Slovenia. *Croatian Medical Journal*, 48: 513-519.
- MARJANOVIC, D., DURMIC, A., KOVACEVIC, L., AVDIC, J., DZEHVEROVIC, M., HAVERIC, S., RAMIC, J., KALAMUJIC, B., LUKIC BILELA, L., SKARO, V., PROJIC, P., BAJROVIC, K., DROBNIC, K., DAVOREN, J., PRIMORAC, D. (2009). Identification of skeletal remains of Communist Armed Forces victims during and after World War II: Combined Y-chromosome Short Tandem Repeat (STR) and MiniSTR approach. *Croatian Medical Journal*, 50: 296-304.
- MARJANOVIC, D., HADZIC METJAHIC, N., CAKAR, J., DZEHVEROVIC, M., DOGAN, S., FERIC, E., DZIJJAN, S., SKARO,

- V., PROJIC, P., MADZAR, T., ROD, E., PRIMORAC, D. (2015). Identification of human remains from the Second World War mass graves uncovered in Bosnia and Herzegovina. *Croatian Medical Journal*, 56: 257-262.
- MARTÍNEZ-LABARGA, C., RICKARDS, O. (1999). La utilización del DNA antiguo en la investigación de la historia evolutiva humana. *Revista Española de Antropología Biológica*, 20: 195-213.
- MOHD NOOR, M. S., SEE KHOO, L., ZAMALIANA ALIAS, W. Z., HASMI, A. H., AZAINI IBRAHIM, M., MAHMOOD, M. S. (2017). The clandestine multiple graves in Malaysia: The first mass identification operation of human skeletal remains. *Forensic Science International*, 278 419.21-410.e9.
- Orden PRE/2568/2011, de 26 de septiembre, por la que se publica el Acuerdo del Consejo de Ministros de 23 de septiembre de 2011, por el que se ordena la publicación en el Boletín Oficial del Estado del Protocolo de actuación en exhumaciones de víctimas de la guerra civil y la dictadura.
- OSSOWSKI, A., DIEPENBROEK, M., KUPIEC, T., BYKOWSKA-WITOWSKA, M., ZIELINSKA, G., DEMBINSKA, T., CIECHANOWICZ, A. (2016). Genetic identification of Communist crimes victims (1944-1956) based on the analysis of one of many mass graves discovered on the Powazki military cemetery in Warsaw, Poland. *Journal of Forensic Sciences*. Doi: 100.1111/1556-4029.13205.
- PÄÄBO, S., POINAR, H., SERRE, D., JAENICKE-DESPRÉS, V., HEBLER, J., ROHLAND, N. (2004). Genetic analyses from ancient DNA. *Annual Review of Genomics and Human Genetics*, 38: 645-679.
- PALOMO-DÍEZ, S., GOMES, C., LÓPEZ-PARRA, A. M., BAEZA-RICHER, C., ESPARZA-ARROYO, A., ARROYO-PARDO, E. (2016). Evaluación de resultados del análisis de ADN antiguo en función de las características macroscópicas de las muestras. En: MONTERO, P. et al. (dirs.). *Poblaciones humanas, genética, ambiente y alimentación*. UAM, Sociedad Española de Antropología Física: 286-303.
- PALOMO-DÍEZ, S., ESPARZA ARROYO, A., TIRADO-VIZCAÍNO, M., VELASCO VÁZQUEZ, J., LÓPEZ-PARRA, A. M., GOMES, C., BAEZA-RICHER, C., ARROYO-PARDO, E. (2018). Kinship analysis and allelic dropout: a forensic approach on an archaeological case. *Annals of Human Biology*, 45: 365-368.
- PALOMO-DÍEZ, S., GOMES, C., LÓPEZ-PARRA, A. M., BAEZA-RICHER, C., CUSCÓ, I., RAFFONE, C., GARCÍA-ARUMÍ, E., VINUEZA ESPINOSA, D. C., SANTOS, C., MONTES, N., RASAL, R., ESCALA, O., CUÉLLAR, J., SUBIRÁ, E., CASALS, F., MALGOSA, A., TIZZANO, E., TARTERA, E., DOMENECH, G., ARROYO-PARDO, E. (2019). Genetic identification of Spanish civil war victims. The state of the art in Catalonia (Northeastern Spain). *Forensic Science International: Genetics*, Supplement Series 7 (1): 419-421.
- PARSON, W., GUSMAO, L., HARES, D. R., IRWIN, J. A., MAYR, W. R., MORLING, N., POKORAK, E., PRINZ, M., SALAS, A., SCHNEIDER, P. M., PARSONS, T. J. (2014). DNA Commission of the International Society for Forensic Genetics: revised and extended guidelines for mitochondrial DNA typing. *Forensic Science International: Genetics*, 13: 134-142.
- PEREIRA, R., PEREIRA, V., GOMES, I., TOMAS, C., MORLING, N., AMORIM, A., PRATA, M. J., CARRACEDO, A., GUSMÃO, L. (2011). A method for the analysis of 32 X chromosome insertion deletion polymorphisms in a single PCR. *International Journal of Legal Medicine*, 126 (1): 97-105. Doi: 10.1007/s00414-011-0593-2.
- PILLI, E., BOCCONE, S., AGOSTINO, A., VIRGILI, A., D'ERRICO, G., LARI, M., RAPONE, C., BARNI, F., MOGGI CECCHI, J., BERTI, A., CARAMELLI, D. (2018). *Science and Justice*, 58 (6): 469-478.
- PRINZ, M., CARRACEDO, A., MAYR, W. R., MORLING, N., PARSONS, T. J., SAJANTILA, A., SCHEITHAUER, R., SCHMITTER, H., SCHNEIDER, P. M. (2007). DNA Commission of the International Society for Forensic Genetics (ISFG): Recommendations regarding the role of forensic genetics for disaster victim identification (DVI). *Forensic Science International: Genetics*, 1: 3-12.
- REICHS, K. J. (1998). *Forensic Osteology. Advances in the Identification of Human Remains*. Charles C. Thomas. Springfield.
- Resolució EXI/2948/2016, de 21 de desembre, per la qual es dóna publicitat a l'Acord marc de col·laboració entre els departaments d'Afers i Relacions Institucionals i Exteriors i Transparència, de Salut i de Justícia per a la identificació genètica de restes òssies de persones desaparegudes durant la Guerra Civil i el franquisme, i als acords de col·laboració específica subscrits per al seu desenvolupament. Departament d'Afers i Relacions Institucionals i Exteriors i Transparència. Diari Oficial de la Generalitat de Catalunya.
- RÍOS, L., CASADO OVEJERO, J. I., PUENTE PRIETO, J. (2010). Identification process in mass graves from the Spanish Civil War I. *Forensic Science International*, 199: e27-e36.
- ROHLAND, N., GLOCKE, I., AXIMU-PETRI, A., MEYER, M. (2018). Extraction of highly degraded DNA from ancient bones, teeth and sediments for high-throughput sequencing. *Nature Protocols*, 13: 2447-2461.
- SCHEUER, L., BLACK, S. (2004). *The juvenile skeleton*. Academic Press. Londres.
- ZUPANIC, I., OBAL, M., ZUPANC, T. (2020). Identifying victims of the largest Second World War family massacre in Slovenia. *Forensic Science International*, 306: 110056.