

## OPINIÓN

# Genealogía genética forense y relaciones multigeneracionales.

## Forensic genetic genealogy and multigenerational relationships.



**Denisse Stephania Becerra-Loaiza**<sup>1</sup>: <https://orcid.org/0000-0003-1251-3383>

**José Alonso Aguilar Velázquez**<sup>2</sup>: <https://orcid.org/0000-0002-5346-5595>



<sup>1</sup>Universidad de Guadalajara, Centro Universitario de Ciencias de la Salud, Departamento de Morfología, Laboratorio de Ciencias Morfológico Forenses y Medicina Molecular, Guadalajara, Jalisco, México.

Correspondencia a: [ja.aguilarvelazquez@gmail.com](mailto:ja.aguilarvelazquez@gmail.com)

### RESUMEN

**Objetivo:** Analizar los alcances, tecnologías y limitaciones de la genealogía genética forense en la inferencia de relaciones multigeneracionales, abordando conceptos clave como los segmentos idénticos por descendencia y por estado.

**Justificación:** La genética forense ha sustentado históricamente la identificación humana mediante el análisis de repeticiones cortas en tándem, marcadores altamente eficaces para la inferencia de parentescos cercanos. No obstante, su capacidad es limitada cuando se evalúan relaciones biológicas distantes o multigeneracionales.

**Conclusiones:** La genealogía genética forense no constituye un sustituto de las metodologías forenses convencionales, sino un recurso complementario de alto valor. Su aplicación debe realizarse de manera contextualizada, técnicamente fundamentada y bajo marcos éticos y regulatorios sólidos que garanticen un uso responsable en la investigación forense.

### ABSTRACT

**Objective:** To analyze the scope, technologies, and limitations of forensic genetic genealogy in the inference of multigenerational relationships, addressing key concepts such as identity-by-descent and identity-by-state segments.

**Background:** Forensic genetics has historically supported human identification through the analysis of short tandem repeats, highly effective markers for the inference of close biological relationships. However, their analytical capacity is

### Palabras clave

Genealogía genética forense, Relaciones multigeneracionales, Polimorfismos de nucleótido sencillo, SNPs, Genealogía, Parentesco, Genómica forense.

### Keywords

Forensic genetic genealogy, Multigenerational relationships, Single nucleotide polymorphisms, SNPs, Genealogy, Kinship, forensic genomics.

### Citar como

Becerra Loaiza DS, Aguilar Velázquez JA. Genealogía genética forense y relaciones multigeneracionales. Rev. cienc. forenses Honduras. 2025;11(2): 53-61. doi:10.5377/rcfh.v11i2.22444

### Historia del artículo

Recepción: 4 -2- 2026

Aprobación: 20 -2- 2026

### Declaración de relaciones actividades financieras y conflictos de interés

Ninguno

### Agradecimientos

Los autores agradecen a la Secretaría de Ciencia, Humanidades, Tecnología e Innovación (SECIHTI) del Gobierno de México por la beca posdoctoral 2025 concedida a Denisse Stephania Becerra-Loaiza (CVU 702574), lo que ha permitido realizar formación académica avanzada, participar activamente en el desarrollo de recursos humanos y difundir conocimientos científicos tanto en la comunidad académica como en la sociedad en general. También agradecen el financiamiento otorgado a José Alonso Aguilar-Velázquez a partir de la convocatoria Ciencia de Frontera 2024 (proyecto CF-2023-G-536).

### Uso de aplicaciones de IA

No declarado

limited when evaluating distant or multigenerational biological relationships.

**Conclusions:** Forensic genetic genealogy does not constitute a substitute for conventional forensic methodologies but rather a high-value complementary resource. Its application must be contextualized, technically robust, and conducted within solid ethical and regulatory frameworks to ensure responsible use in forensic investigations.

## **INTRODUCCIÓN**

La genética forense apoya la resolución de casos jurídicos mediante la aplicación de conocimientos de genética y de técnicas de biología molecular. Tradicionalmente, esta disciplina se ha basado en el análisis de marcadores genéticos como los microsatélites, también conocidos como repeticiones cortas en tándem o Short Tandem Repeats (STRs), los cuales, debido a su alta variabilidad y robustez analítica, desde hace más de dos décadas se han consolidado como los marcadores de elección en las labores de identificación humana, en la resolución de casos criminales y en las pruebas de parentesco<sup>1</sup>.

Si bien los STRs permiten resolver de manera eficiente la mayoría de los casos de parentesco directo y cercano — particularmente aquellos que involucran familiares de primer y segundo grado, como padres, hijos y hermanos, su poder de discriminación disminuye de forma considerable cuando se analizan relaciones biológicas más distantes. En estos escenarios, los resultados pueden ser ambiguos o no concluyentes, lo que limita su utilidad en investigaciones complejas<sup>2</sup>.

El desarrollo de nuevas tecnologías de análisis genómico ha dado lugar a enfoques alternativos, entre ellos la genealogía genética forense (Forensic Genetic Genealogy, FGG) o genealogía genética investigativa (Investigative Genetic Genealogy, IGG). Esta disciplina se basa en el análisis de miles o incluso millones de marcadores genéticos como los SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms), distribuidos a lo largo de todo el genoma. A partir de estos datos, es posible identificar segmentos de

ancestro común, denominados segmentos idénticos por descendencia (IBD) o discernir segmentos idénticos por estado (IBS), lo que permite inferir vínculos biológicos a lo largo de varias generaciones (**figura 1**).

En los últimos años, la FGG ha cobrado especial relevancia en la resolución de casos antiguos sin resolver (cold cases), en la identificación de personas desaparecidas y en investigaciones criminales donde reconstruir una historia familiar resulta clave para avanzar hacia su resolución. Mediante la integración de información genética y genealógica, los investigadores construyen árboles familiares que funcionan como mapas biológicos del parentesco.

No obstante, pese a su enorme potencial, la FGG no es una herramienta infalible. Su efectividad depende de múltiples factores, como la cantidad y calidad de la información genética disponible, el grado de parentesco entre los individuos analizados y la representatividad de las bases de datos de referencia. Por ello, comprender tanto sus alcances como sus limitaciones resulta esencial para valorar de manera crítica su contribución a la ciencia forense y a la administración de justicia.

### **Alcance de las relaciones multigeneracionales**

La FGG ha ampliado significativamente el alcance práctico de la identificación forense al permitir la generación de pistas investigativas a partir de evidencias biológicas complejas, incluyendo muestras de ADN degradado, mezclado o de baja cantidad y calidad. Este enfoque resulta particularmente útil en aquellos casos en los que las búsquedas convencionales en bases de datos forenses no producen coincidencias directas.

Su principal fortaleza radica en el uso de información genómica basada en un gran número de SNPs y en la aplicación de modelos de inferencia de parentesco que trascienden la identificación directa y explorar

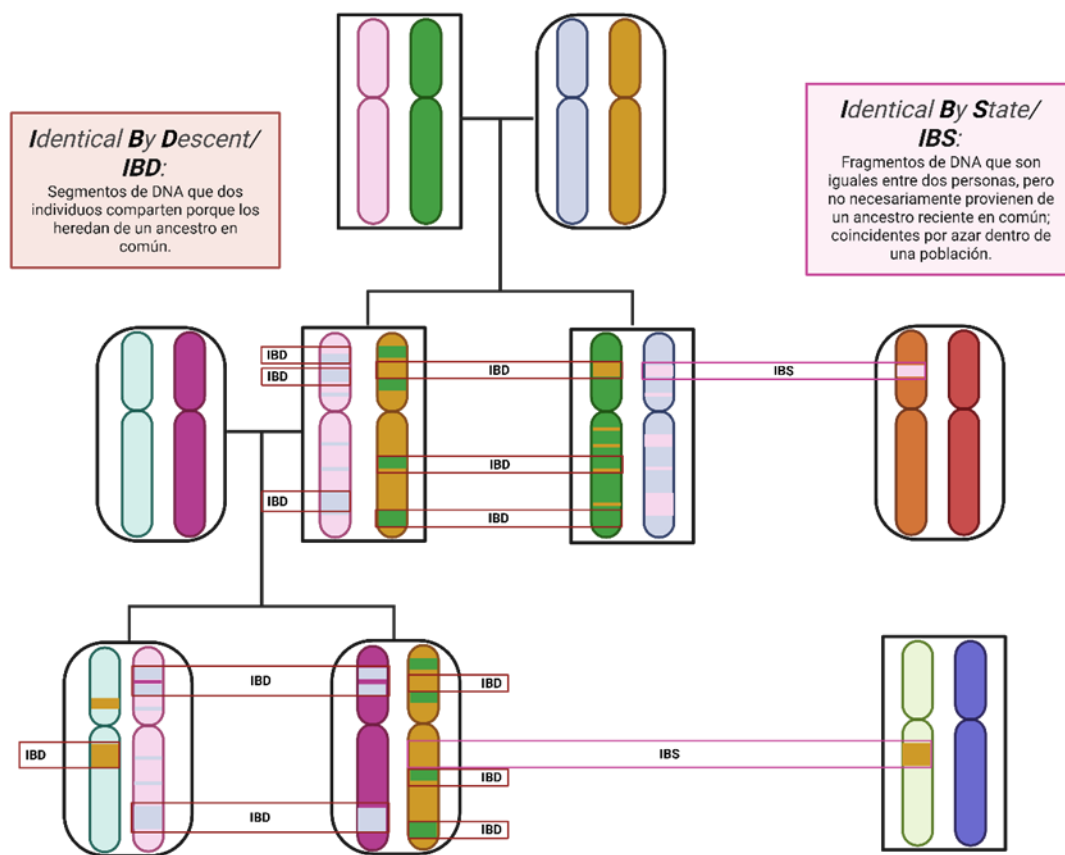


Figura 1. Esquema ilustrativo que muestra la diferencia entre segmentos genéticos Identical by Descent (IBD) e Identical by State (IBS) en el contexto de la inferencia de parentesco multigeneracional (autoría propia, creado en Biorender.com).

Desde una perspectiva multigeneracional, la eficacia de la FGG está estrechamente relacionada con la cantidad de marcadores genéticos analizados y con el grado de parentesco que se desea inferir. Estimaciones teóricas basadas en modelos clásicos de razón de verosimilitud (Likelihood Ratio, LR) sugieren valores mínimos aproximados para distintos grados de parentesco (**Cuadro 1**). Asimismo, estudios que emplean pedigrís reales y simulados han demostrado que, en condiciones ideales, es posible inferir relaciones biológicas de hasta séptimo u octavo grado. Sin embargo, a partir de parentescos mayores al sexto grado, las relaciones comienzan a volverse genéticamente indetectables en una proporción creciente de pares de individuos <sup>4,6</sup>, (**figura 2**).

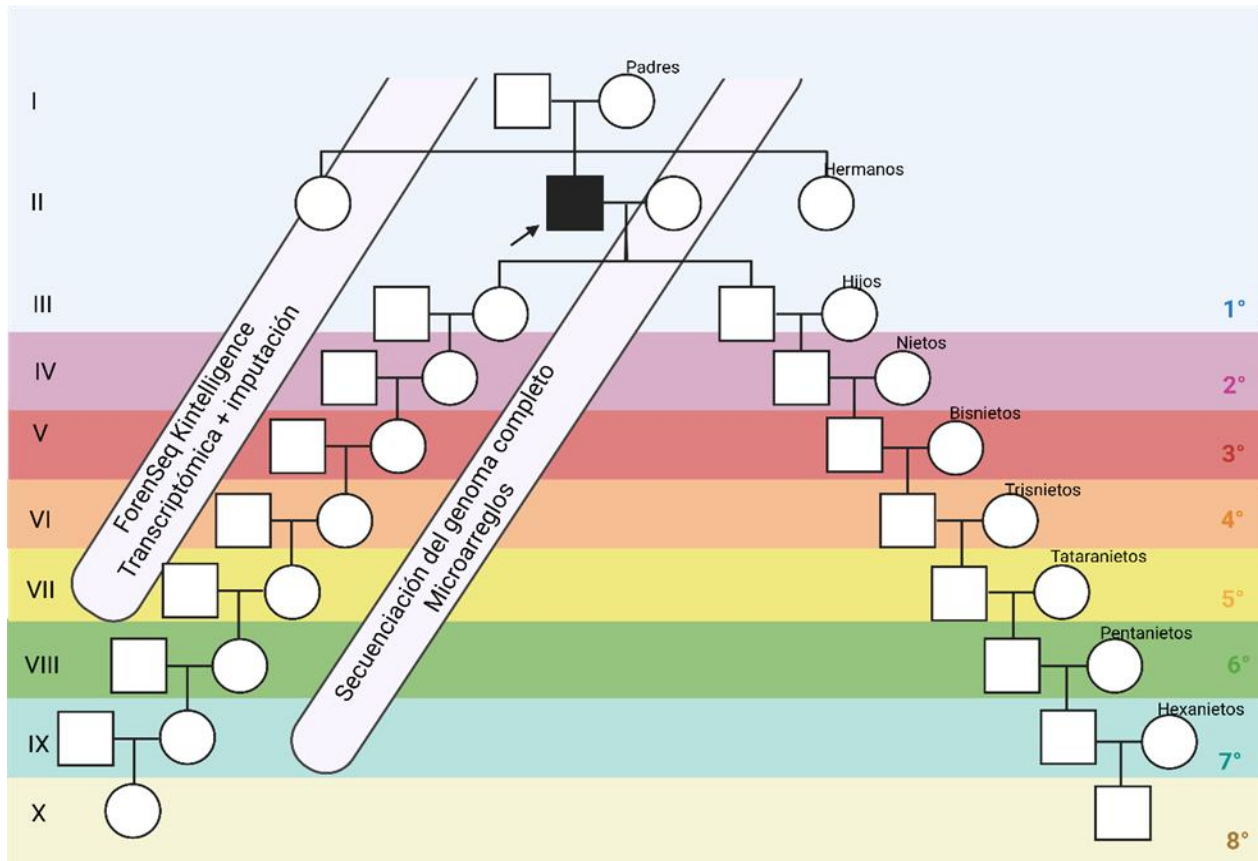
En la práctica forense, la mayoría de las investigaciones se centran en individuos con parentesco de primer a tercer grado. Aun así, el desempeño real de la FGG está condicionado por factores no ideales del mundo forense, como la calidad limitada de las muestras, la complejidad de las mezclas, la cobertura y los sesgos poblacionales de las bases de datos genéticas, la pérdida estocástica de segmentos IBD informativos a lo largo de las generaciones y la incertidumbre inherente a los algoritmos de inferencia de parentesco distante.

A estas limitaciones técnicas se suman consideraciones éticas, legales y de gobernanza que influyen de manera directa en cuándo y cómo debe aplicarse esta herramienta. En consecuencia, la FGG no debe entenderse como una solución

Cuadro 1. Porcentaje promedio y rango esperado de ADN compartido entre miembros de una familia, y número aproximado de SNPs necesarios para identificar relaciones multigeneracionales con base en el grado de parentesco (modificado de Carratto et al., 2022)<sup>7</sup>.

Grado de parentesco	Relación de parentesco	Porcentaje promedio de DNA compartido	Rango esperado de porcentaje de DNA compartido	Identificación de relación multigeneracional**
1°	Gemelo monocigótico (idéntico)	100%	100%	ND
1°	Padres/Hijos	50%*	50%	~85 SNPs
1°	Hermanos completos, gemelo dicigótico (fraterno)	50%	38% – 61%	~127 SNPs
2°	Abuelo/Nieto, Tío o Tía/ Sobrino o Sobrina, Hermano medio	25%	17% – 34%	~491 SNPs
3°	Primo hermano, bisabuelo/bisnieto, tío abuelo o tía abuela/ sobrino nieto o sobrina nieta	12.5%	4% – 23%	~1,858 SNPs
4°	Primo hermano en primer grado removido, medio primo hermano	6.25%	2% – 11.5%	~4,000 – 10,000 SNPs
5°	Primo segundo	3.13%	2% – 6%	≥10,000 SNPs***
6°	Primo tercero	0.78%	0% – 2.2%	
7°	Primo cuarto	≤ 0.39%	ND	ND
8°	Primo quinto	≤ 0.20%	ND	
9°	Primo sexto	≤ 0.10%	ND	

\*47.5% en relaciones padre-hijo varón; \*\*Valores teóricos mínimos de LR: SNPs para identificar relaciones multigeneracionales<sup>8</sup>; \*\*\*Idealmente 25,000 – 95,000 SNPs. ND: no se han reportado datos concluyentes.



**Figura 2. Formación de segmentos cromosómicos IBD (identical by descent) se van haciendo más pequeños por la recombinación aleatoria con el paso de las generaciones. (Modificado a partir de Greytak et al., 2019<sup>5</sup>). La longitud de los segmentos IBD se reporta en centimorgans (cM).**

universal, sino como un recurso complementario de alto valor que debe emplearse de forma contextualizada, responsable y respaldada por investigación metodológica continua y marcos normativos sólidos.

#### **Tecnologías empleadas en genealogía genética forense**

Los enfoques basados en microarreglos de alta densidad o en secuenciación del genoma completo (Whole Genome Sequencing, WGS) constituyen la base clásica de la genealogía genética comercial. Estas tecnologías permiten identificar segmentos IBD a lo largo del genoma y ofrecen inferencias de parentesco confiables que pueden extenderse, en condiciones favorables, hasta parentescos de 7° grado<sup>3-6</sup>.

De manera similar, la WGS de baja cobertura (alrededor de 1x) ha demostrado ser una alternativa viable para la inferencia de parentescos lejanos. Esta estrategia presenta la ventaja de ser compatible con plataformas de secuenciación de alto rendimiento utilizadas de forma rutinaria en laboratorios forenses y de investigación, manteniendo un desempeño adecuado para la detección de relaciones familiares distantes<sup>5</sup>.

En contraste, plataformas específicamente diseñadas para el entorno forense, como el kit ForenSeq Kintelligence (Verogen, QIAGEN, Aarhus, Dinamarca®), analizan un conjunto de aproximadamente 10,000 SNPs. Este tipo de sistemas muestra un desempeño óptimo para la identificación de parentescos cercanos y moderadamente cercanos,

generalmente entre 1° y 5° grado. A partir de grados más lejanos, la fiabilidad disminuye de forma notable, reflejando el compromiso entre la robustez analítica y la capacidad de trabajar con muestras degradadas o de baja calidad, características del contexto forense real <sup>9-11</sup>.

Finalmente, se han propuesto enfoques experimentales que combinan datos transcriptómicos con estrategias de imputación genética. Aunque su alcance actual es limitado y se restringe principalmente a la identificación de primos cercanos, estos métodos ilustran el potencial de integrar nuevas fuentes de información molecular para ampliar, en el futuro, el repertorio de herramientas disponibles en la FGG <sup>12</sup>.

#### **Métodos estadísticos y exactitud de las inferencias**

La exactitud de la genealogía genética forense no depende únicamente de la cantidad y calidad del ADN analizado, sino también de los métodos estadísticos utilizados para interpretar la información genética. En el caso de relaciones familiares cercanas, como padres, hijos o hermanos, los modelos basados en LR permiten evaluar de manera precisa la probabilidad de parentesco. Cuando estos modelos se apoyan en conjuntos de SNPs seleccionados estratégicamente, pueden alcanzar niveles de exactitud elevados y adecuados para aplicaciones forenses <sup>13</sup>.

A medida que los parentescos se vuelven más lejanos, las estrategias analíticas cambian. En estos escenarios, los métodos que se centran en la identificación y cuantificación de segmentos IBD —por ejemplo, mediante la longitud total de ADN compartido a lo largo del genoma— resultan especialmente eficaces. Técnicas complementarias, como el análisis de parentesco basado en ventanas genómicas de varios millones de pares de bases, han demostrado ofrecer un desempeño comparable o incluso superior al de los modelos clásicos, siempre que se disponga de datos genéticos suficientemente densos, con decenas de miles de SNPs analizados <sup>4,9,14</sup>.

Los estudios basados en simulaciones también han permitido evaluar el impacto de errores en los datos genéticos. Estos trabajos indican que errores pequeños en el genotipado suelen

tener un efecto limitado sobre los resultados finales. Sin embargo, cuando la tasa de error aumenta, los métodos que dependen de la detección de segmentos IBD tienden a verse más afectados que aquellos que evalúan el parentesco de forma global. Estos hallazgos resaltan la importancia de contar con datos genéticos de alta calidad para garantizar inferencias confiables, especialmente en el análisis de relaciones familiares distantes <sup>14,15</sup>.

#### **Genealogía práctica y reconstrucción de árboles familiares**

Una vez estimada la distancia genética entre individuos, la FGG integra estos resultados con información procedente de registros civiles, archivos históricos y fuentes genealógicas. Esta combinación permite identificar al ancestro común más reciente y, a partir de él, reconstruir las distintas ramas familiares hasta llegar a personas concretas que pueden convertirse en candidatos de interés dentro de una investigación forense <sup>16-18</sup>.

Este proceso, que vincula la información genética con la historia familiar documentada, suele ser complejo y demandante en términos de tiempo y recursos. Para optimizarlo, se han desarrollado modelos dinámicos de toma de decisiones que ayudan a priorizar qué coincidencias genéticas y qué líneas ancestrales conviene investigar en cada etapa del análisis <sup>16</sup>. Gracias a estos enfoques, el tiempo necesario para avanzar en la reconstrucción genealógica puede reducirse de manera considerable.

Diversos estudios recientes coinciden en que, en muchos casos, el principal desafío de la FGG no reside en el análisis genético, sino en la fase Genealógica posterior. La interpretación de árboles familiares extensos y la verificación

documental suelen convertirse en el verdadero cuello de botella de estas investigaciones <sup>3,17,19</sup>.

Este hecho pone de manifiesto que el éxito de la FGG depende tanto de la genética como de la capacidad de integrar información histórica y familiar de forma estratégica.

#### **Limitaciones y consideraciones éticas**

La capacidad de la FGG disminuye de forma progresiva con cada generación adicional que separa a los individuos analizados. En muchos casos, los parientes muy lejanos ya no comparten segmentos IBD detectables que permitan inferir de forma fiable un ancestro común <sup>4,6</sup>. Esta limitación se acentúa cuando se trabaja con muestras degradadas o con bases de datos genéticas de tamaño reducido o con baja representatividad poblacional <sup>5,11</sup>.

A estas restricciones técnicas se suman importantes retos éticos y de privacidad. La FGG permite inferir relaciones familiares a lo largo de varias generaciones, lo que implica la posible identificación indirecta de personas que nunca han proporcionado su ADN de manera voluntaria. Por ello, su aplicación exige marcos regulatorios claros que equilibren el valor forense de la técnica con la protección de los derechos individuales y la transparencia en su uso <sup>19-21</sup>.

#### **Conclusiones**

La FGG constituye una herramienta poderosa y altamente eficaz para la inferencia de parentescos cercanos, particularmente hasta el 3° o 4° grado, y puede extender su alcance hasta relaciones de 5° a 7° grado, cuando se dispone de datos genómicos densos y de alta calidad. Sin embargo, la probabilidad de no detectar o de clasificar erróneamente a parientes lejanos aumenta de forma considerable a partir del 6° grado de parentesco, especialmente cuando se emplean conjuntos limitados de SNPs o cuando la calidad de los datos es subóptima.

En este contexto, la FGG no debe concebirse como un sustituto de las metodologías forenses tradicionales, sino como un complemento estratégico que amplía las posibilidades investigativas en casos complejos. Su aplicación exitosa depende no solo del análisis genético, sino también de la correcta integración de información genealógica, histórica y documental, así como del respeto a principios éticos y legales que garanticen un uso responsable de esta tecnología en beneficio de la justicia.

**La genealogía genética forense no es un sustituto de las metodologías forenses tradicionales, sino un complemento estratégico que amplía las posibilidades investigativas en casos complejos y su aplicación exitosa depende tanto de la genética, como de la capacidad de integrar información histórica y familiar de forma estratégica.**

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. Aguilar-Velázquez JA. Perspectiva general de la genética y la genómica forense en México. *ReCiF*. 2023; 2(3):67-76.
2. Xu H, Yao H, Yuan X, Lan Q, Lin Y, Wu X, et al. Forensic utilization of NGS-STRs and evaluation of system efficacy for different kinship identifications. *Hum Genomics*. 2025; 19(1):151.
3. Kling D, Phillips C, Kennett D, Tillmar A. Investigative genetic genealogy: Current methods, knowledge and practice. *Forensic Sci Int Genet*. 2021; 52:102474.
4. Kling D, Tillmar A. Forensic genealogy-A comparison of methods to infer distant relationships based on dense SNP data. *Forensic Sci Int Genet*. 2019; 42:113-124.
5. Woerner AE, Novroski NM, Mandape S, King JL, Crysop B, Coble MD. Identifying distant relatives using benchtop-scale sequencing. *Forensic Sci Int Genet*. 2024; 69:103005.
6. Liu J, Wei YL, Yang L, Jiang L, Zhao WT, Li CX. Testing of two SNP array-based genealogy algorithms using extended Han Chinese pedigrees and recommendations for improved performances in forensic practice. *Electrophoresis*. 2023; 44(17-18): 1435-1445.
7. Telles Carratto TM, Soares Moraes VM, Frontanilla Recalde TS, Guimarães de Oliveira ML, Teixeira Mendes-Junior CT. Applications of massively parallel sequencing in forensic genetics. *Genet Mol Biol*. 2022; 45(3 Suppl 1):e20220077.
8. Pedroza Matute S, Iyavoo S. Implementation of NGS and SNP microarrays in routine forensic practice: opportunities and barriers. *BMC Genomics*. 2025; 26(1):541.
9. Snedecor J, Fennell T, Stadick S, Homer N, Antunes J, Stephens K, et al. Fast and accurate kinship estimation using sparse SNPs in relatively large database searches. *Forensic Sci Int Genet*. 2022; 61:102769.
10. Daniel R, Raymond J, Sears A, Stock A, Scudder N, Padmabandu G, et al. It's all relative: A multi-generational study using ForenSeq™ Kintelligence. *Forensic Sci Int*. 2024; 364:112208.
11. Peck MA, Koepfel AF, Gorden EM, Bouchet JL, Heaton MC, Russell DA, et al. Internal validation of the ForenSeq Kintelligence kit for application to forensic genetic genealogy. *Forensic Genom*. 2022; 2(4):103-114.
12. Kling D, Jepsen AH, Kampmann ML, Jacobsen SB, Tillmar A, Børsting C, et al. Forensic investigative genetic genealogy using genotypes generated or imputed from transcriptomes. *Forensic Sci Int Genet*. 2025; 78:103277.
13. Ge J, Budowle B, Cariaso M, Mittelman K, Mittelman D. A likelihood ratio framework for inferring close kinship from dynamically selected SNPs. *Front Genet*. 2025; 16:1635734.
14. Tillmar A, Kling D. Comparative Study of Statistical Approaches and SNP Panels to Infer Distant Relationships in Forensic Genetics. *Genes (Basel)*. 2025; 16(2):114.
15. Turner SD, Nagraj VP, Scholz M, Jessa S, Acevedo C, Ge J, et al. Evaluating the Impact of Dropout and Genotyping Error on SNP-Based Kinship Analysis With Forensic Samples. *Front Genet*. 2022; 13:882268.
16. Ertürk MS, Fitzpatrick C, Press M, Wein LM. Analysis of the genealogy process in forensic genetic genealogy. *J Forensic Sci*. 2022; 67(6):2218-2229.
17. Glynn CL. Bridging Disciplines to Form a New One: The Emergence of Forensic Genetic Genealogy. *Genes (Basel)*. 2022; 13(8):1381.
18. Greytak EM, Moore C, Armentrout SL. Genetic genealogy for cold case and active investigations. *Forensic Sci Int*. 2019; 299:103-113.
19. Rogalla-Ładniak U. The overview of forensic genetic genealogy. *Arch Med Sadowej Kryminol*. 2022; 72(4):211-222.
20. Kennett D. Using genetic genealogy databases in missing persons cases and to develop suspect leads in violent crimes. *Forensic Sci Int*. 2019; 301:107-117.
21. Verogen. Forensic genetic genealogy with GEDmatch: application note VD2020005-B [Internet]. San Diego (CA): Verogen; 2020[citado 13 enero 2026]. Disponible en: <https://verogen.com/wp-content/uploads/2020/12/forensic-genetic-genealogy-with-gedmatch-application-note-vd2020005-b.pdf>