



Universitat
de les Illes Balears

TRABAJO FIN DE GRADO

GENÉTICA FORENSE NO-HUMANA. NUEVAS APLICACIONES

Aina Servera López

Grado de Biología

Facultad de Ciencias

Año Académico 2020-21

GENÉTICA FORENSE NO-HUMANA. NUEVAS APLICACIONES

Aina Servera López

Trabajo de Fin de Grado

Facultad de Ciencias

Universidad de las Illes Balears

Año Académico 2020-21

Palabras clave del trabajo:

Genética forense, animal, no-humana, marcadores genéticos,

Nombre Tutor/Tutora del Trabajo: Joana Francesca Ferragut Simonet

Nombre Tutor/Tutora (si procede)

Se autoriza la Universidad a incluir este trabajo en el Repositorio Institucional para su consulta en acceso abierto y difusión en línea, con fines exclusivamente académicos y de investigación

Autor		Tutor	
Sí	No	Sí	No
<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>

Índice

1. Resumen	6
2. Introducción	7
2.1 Historia de la Genética Forense	7
2.2 Genética Forense no humana	8
3. Objetivo	9
4. Material y métodos	10
5. Resultados	11
5.1 Análisis de datos de la búsqueda bibliográfica	11
5.2 Exposición de los temas de la búsqueda	14
a. Trata ilegal de animales	14
b. Control del comercio y alimentación	15
c. Uso de animales en prácticas forenses a humanos	17
d. Tráfico ilegal de drogas	19
e. Monitoreo de especies	21
6. Discusión	22
7. Conclusiones	25
8. Bibliografía	26

1. Resumen

La Genética Forense es una especialidad de la genética aplicada a la medicina legal y la criminología. Se utiliza toda una serie de técnicas para analizar el ADN de restos biológicos y así poder determinar la procedencia de estos identificando los diferentes polimorfismos que difieren entre individuos. La Genética Forense tiene como antecedente la Hemogenética Forense, a principios del s. XX, cuando se descubre el grupo sanguíneo ABO y su transmisión de forma hereditaria entre individuos. Dentro de la Genética Forense existe una rama aplicada a otras especies, la Genética Forense no-humana. El objetivo de este estudio es revisar las diferentes aplicaciones de la Genética Forense no-humana estudiadas durante los últimos años mediante una búsqueda bibliográfica en *Web of Science* y *Scopus* con las palabras clave “no-human forensic genetics”, “animal forensic genetics” y “wildlife forensic genetics”. Los temas más recurrentes en esta búsqueda han sido la trata ilegal de animales, el control del comercio y alimentación, el uso de animales en prácticas forenses a humanos, el tráfico ilegal de drogas y el monitoreo de especies.

Como conclusión, los avances tanto tecnológicos como de conocimiento del genoma proporcionan información muy interesante y necesaria para la resolución de problemas judiciales tanto en relación con el ser humano como en el mantenimiento de las poblaciones y sus nichos ecológicos.

1. Summary

Forensic Genetics is a specialty of genetics applied to forensic medicine and criminology. A whole series of techniques is used to analyse the DNA of biological remains and thus be able to determine the origin of these by identifying the different polymorphisms that differ between individuals. Forensic Genetics has as its antecedent Forensic Hemogenetics, at the beginning of the s. XX, when the ABO blood group is discovered and its transmission in a hereditary way between individuals. Within Forensic Genetics there is a branch applied to other species, non-human Forensic Genetics. The objective of this study is to review the different applications of non-human forensic genetics studied during the last years by means of a bibliographic search in *Web of Science* and *Scopus* with the keywords “no-human forensic genetics”, “animal forensic genetics” and “Wildlife forensic genetics”. The most recurrent themes in this search have been the illegal trafficking of animals, the control of trade and food, the use of animals in human forensic practices, illegal drug trafficking and the monitoring of species.

As a conclusion, both technological advances and genome knowledge provide very interesting and necessary information for solving legal problems both in relation to humans and in the maintenance of populations and their ecological niches.

2. Introducción

La Genética Forense es una especialidad de la genética aplicada a la medicina legal y la criminología. Es una ciencia multidisciplinaria que abarca conocimientos de la biología molecular, la bioquímica y la genética y se basa en el estudio de la transmisión de los caracteres hereditarios y el análisis de polimorfismos o variabilidad genética aplicada a los problemas judiciales. En Genética Forense se utiliza toda una serie de técnicas para analizar el ADN de restos biológicos y así poder determinar la procedencia de estos identificando los diferentes polimorfismos que difieren entre individuos. Generalmente se utiliza para resolver problemas jurídicos, en la resolución de delitos (Cobain, 2016) a través del análisis de muestras de pelo, sangre, otros fluidos, etc. encontrados en la escena del crimen; identificación de individuos o determinación de parentesco (Dang et al., 2020).

2.1. Historia de la Genética Forense

La Genética Forense tiene como antecedente la Hemogenética Forense, a principios del s. XX, cuando se descubre el grupo sanguíneo AB0 (Landsteiner K., 1901) y su transmisión de forma hereditaria entre individuos. Su uso más común era en casos de investigación de la paternidad y en análisis de sangre en escenarios de crímenes. Con el tiempo se fueron identificando otros antígenos eritrocitarios polimórficos como el Rh, MNSs o Duffy, así como el sistema HLA (*Human Leucytes Antigens*) y su papel en las reacciones transfusionales y en el rechazo en los trasplantes de órganos (Dausset, 1958; Payne y Rolfs, 1958; van Rood et al., 1958). Más tarde se descubrió la estructura del ADN (Watson y Crick, 1953) y de los ácidos nucleicos como medio de transmisión hereditaria de caracteres entre individuos (Hershey y Chase, 1952).

Cuando se puede comenzar a hablar oficialmente de Genética Forense es con el primer polimorfismo de ADN en 1980 (Wyman y Whitet, 1980). Jeffreys et al. (1985) descubrieron un patrón de variable y heredable basado en el análisis del ADN mediante sondas *multilocus* que da lugar al DNA *fingerprinting* o "huella de ADN". El primer caso judicial en el que se usó esta técnica ocurrió en 1986 en Inglaterra, con la investigación de dos casos de violación y muerte en un pueblo del condado de Leicestershire (Cobain, 2016). Mas tarde, vino el diseño de las sondas *unilocus* (SLPs), que presentan mayor variabilidad que las sondas *multilocus*.

Hasta entonces, solo se podía trabajar con grandes cantidades de muestra y con ADN en muy buen estado, lo que hacía un poco arduo la aplicación de la Genética Forense. Hasta 1986, con la elaboración de un nuevo método de amplificación de ADN *in vitro*, la Reacción en Cadena de la Polimerasa o PCR (Mullis et al., 1986). Con este método se consigue amplificar exponencialmente el ADN de la muestra y así poder trabajar con ella. En 1988 se usó por primera

vez la PCR en Genética Forense en un caso de identificación de restos óseos (Blake et al., 1992).

La técnica de la PCR también permite amplificar y estudiar STR, regiones de 2 a 7 nucleótidos repetitivos en el genoma, y durante los años siguientes, un número considerable de STRs de cromosomas autosómicos y de cromosomas sexuales fueron explorados para ser aplicados en identificación humana (Al Edwards et al., 1991; AL Edwards et al., 1992; Corach et al., 1997; Edelmann et al., 2001; Gusmao et al., 2003; Butler, 2006) de los que se seleccionaron distintos STR que hoy son ampliamente utilizados por la mayoría de los laboratorios. Rápidamente aparecieron “multiplexes” de STR que combinaban la amplificación simultánea de tres o cuatro STR en una misma reacción (Kimpton et al., 1994). Así como el estudio del ADN mitocondrial (MM y Parsons, 1999). Hay un catálogo exhaustivo de los STR de uso común en Genética Forense que se encuentra en STRbase (Ruitberg et al., 2001)

Con el Proyecto Genoma Humano y otros proyectos posteriores se han revelado la existencia de polimorfismos presentes con una densidad muy alta a lo largo de todo el genoma. Estos polimorfismos son conocidos como polimorfismos de un único nucleótido o SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*), son variaciones en la secuencia de ADN que afecta a una sola base de una secuencia del genoma y que constituyen hasta el 90% de todas las variaciones genómicas humanas. En un principio, el interés de estos polimorfismos en Genética Forense se centra en su aplicación a casos de ADN degradado (Sanchez et al., 2006).

Otro aspecto de la investigación forense que también se ha beneficiado a partir de estudios más recientes es la posibilidad de identificar el tipo de fluido o a través del análisis de marcadores de ARN mensajero como medio de identificar el tipo celular.

Finalmente están teniendo aplicación cada vez más intensa en Genética Forense los nuevos desarrollos tecnológicos surgidos con las nuevas plataformas de secuenciación masiva en paralelo o MPS (*Massive Parallell Sequencing*) o NGS (*Next Generation Sequencing*).

2.2. Genética Forense no humana.

Dentro de la Genética Forense existe una rama aplicada a otras especies. Esta comenzó muy ligada a la primera, ante la necesidad de resolver casos donde las víctimas eran humanos, pero en donde se veían involucradas especies no humanas, como por ejemplo ataques de animales a personas, accidentes que involucraban animales, o asesinatos (Menotti-Raymond et al., 1997; Savolainen y Lundeberg, 1999). En los últimos años, esta vertiente ha ido evolucionando hasta resolver casos donde el objeto de estudio es animal o vegetal, y este puede haber sido la víctima (casos de crueldad animal, robo de animales, tráfico ilegal ...), el culpable (animales involucrados en ataques a personas u otros animales) o el testigo (muestras de ADN de origen animal relacionan al

sospechoso con la escena del crimen o con la víctima). Por esta razón la Genética Forense no humana puede ser definida como la aplicación de técnicas y teorías genéticas en asuntos legales que involucran materiales biológicos de origen no humano.

En los últimos años, gracias a los avances científicos y tecnológicos, la Genética Forense no Humana ha evolucionado rápidamente y adquirido gran importancia siendo así aplicada en múltiples ámbitos científicos, no solo en casos jurídicos como asesinatos o tráfico ilegal de especies, sino también en el ámbito ecológico, con el control y monitoreo de especies o el control de la endogamia. En este Trabajo de Final de Grado se expondrán las diferentes aplicaciones que han ido surgiendo y desarrollándose a lo largo de los últimos años.

3. Objetivo

El objetivo de este trabajo es revisar las diferentes aplicaciones de la Genética Forense no-humana investigadas durante los últimos años mediante una búsqueda bibliográfica.

4. Material y métodos.

Para este trabajo se ha realizado una búsqueda bibliográfica en octubre de 2019 de artículos científicos publicados a partir del 2015 en dos buscadores, *Web of Science* y *Scopus*. En cada uno se han introducido las palabras clave “*no-human forensic genetics*”, “*animal forensic genetics*” y “*wildlife forensic genetics*”. Una vez recogida la lista con todos los artículos se ha procedido al descarte de artículos duplicados mediante la lectura de los títulos, después, leyendo los resúmenes se han ido descartado artículos no útiles para el trabajo siguiendo los siguientes criterios:

- Artículos que solo tratasen con humanos
- Artículos que no hiciesen referencia a pruebas genéticas
- Artículos que no hiciesen referencia a prácticas forenses.

Los artículos restantes han sido clasificados por diferentes parámetros para analizar mejor los resultados:

- Tipo de artículo (artículo científico, revisión, capítulo de libro o carta de editor).
- Palabras clave para poder agrupar los artículos en los diferentes temas a exponer.
- La especie utilizada en el estudio
- La revista donde se publica
- El mes y año de publicación.
- El número de citas que tiene el artículo.

Con estos parámetros se han realizado análisis de los datos recogidos en la búsqueda bibliográfica.

- Conteo del número de artículos recopilados en las búsquedas de las diferentes palabras clave en ambos buscadores.
- Revistas con mayor número de artículos publicados.
- Revistas con mayor media de nº de citas/publicación.
- Índices de impacto desde el 2015 de las revistas representadas
- Numero de publicaciones por año.
- Porcentaje de los distintos tipos de seres vivos utilizados.

5. Resultados

5.1. Análisis de datos de la búsqueda bibliográfica

En la búsqueda inicial se contaron 2088 resultados totales entre *Scopus* y *Web of Science*. En la Tabla 1, se muestran el número de resultados obtenidos de cada palabra clave y buscador.

Tabla 1: N.º de resultados obtenidos en la búsqueda inicial distribuidos por buscador (*Web of Science* y *Scopus*) y palabras clave. Así como el N.º de artículos repetidos entre las distintas búsquedas y el total final de artículos obtenidos.

	"non-human forensic genetics"	"animal forensic genetics"	"wildlife forensic genetics"	Artículos repetidos	TOTAL
Web of Science	286	1983	142	834	1577
Scopus	315	375	71	250	511
				TOTAL	2088

Entre los dos buscadores hubo 291 resultados repetidos, por lo que en total se contaron 1797 artículos. Una vez realizado el descarte de artículos no relacionados con el tema de la revisión, se obtuvo un total de 654 artículos, de los cuales hay 57 revisiones, 12 capítulos de libro y 6 cartas de editor.

Estos artículos están publicados en 229 revistas científicas, de las cuales las que más artículos publicados tienen sobre el tema son las representadas en la Figura 1.

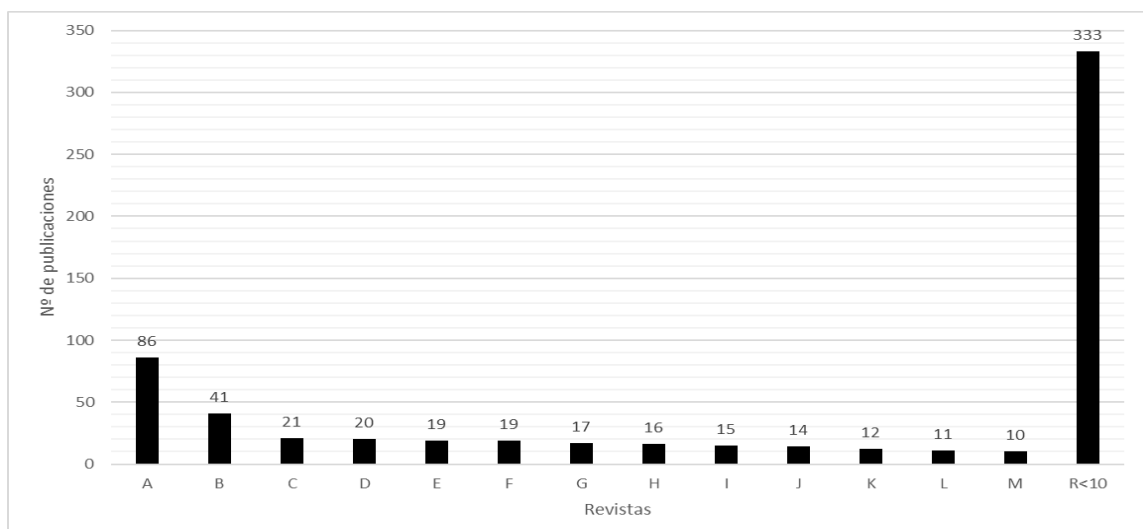


Figura 1: Representación del número de publicaciones de las revistas con más de 5 publicaciones sobre Genética Forense no-humana. R<10 (Revistas con menos de 10 publicaciones), A (Forensic Science International- Genetics), B (Forensic Science International), C (Plos One), D (International Journal of Legal Medicine), E (Journal of Forensic Genetics), F (Journal of Forensic Medicine), G (Mitochondrial DNA Part A), H (Journal of Medical Entomology), I (Conservation Genetics Resources), J (Mitochondrial DNA Part B-resources), K (Legal Medicine), L (Genome), M (PEERJ).

Podemos establecer una relación entre el número total de citas que tiene una revista con el número de publicaciones de esta, consiguiendo así una media de citas por publicación. En la Figura 2 se ven las revistas cuya media es mayor a 28

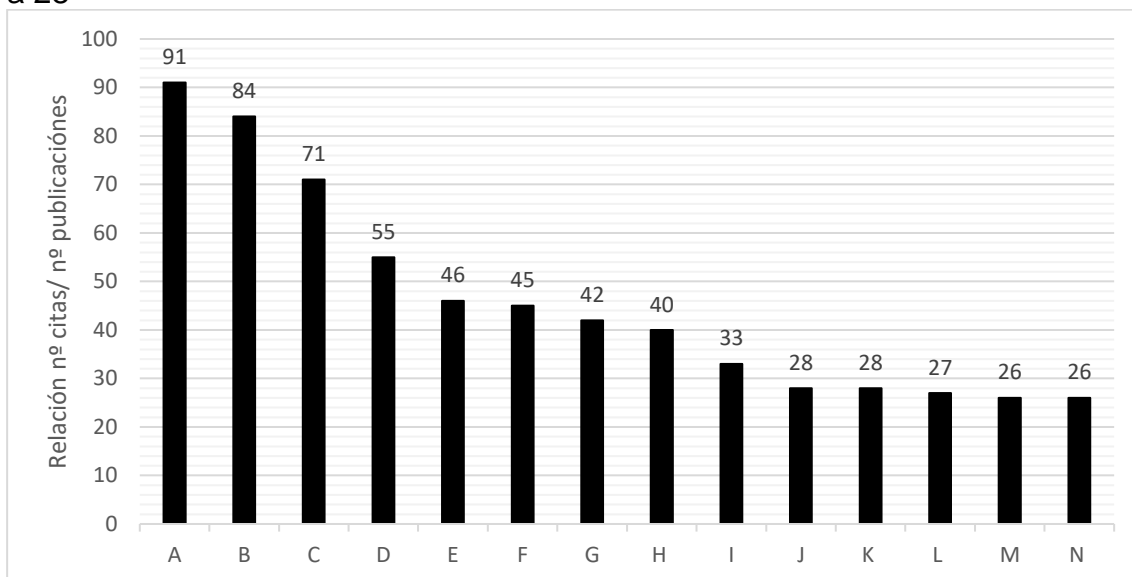


Figura 2: Representación de la relación nº citas/nº de publicaciones de las revistas: A (Acs Chemical Neuroscience), B(Proceedings of The National Academy of Sciences of The United States of America), C (Clinical Microbiology Reviews), D (Microbiome), E (Journal of Forensic Sciences), F (Nature Communications), G (Theoretical Population Biology), H (Food Control), I (Environmental Biology Fishes), J (Genetics), K (Genome Research), L (Saudi Journal of Biological Sciences), M (Nature), N (Open Biology)

En la Tabla 2 se puede ver un promedio de los Índices de impacto desde el 2015 de las revistas representadas en las Figuras 1 y 2, recopilados en la Herramienta de Consulta Del Factor de Impacto y Otras Métricas Del Portal de Acceso a La Web of Knowledge, (2020).

Tabla 2: Promedio de los Índices de impacto (2015-2019) de las revistas representadas en las Figuras 1 y 2, recopilados en la Herramienta de Consulta Del Factor de Impacto y Otras Métricas Del Portal de Acceso a La Web of Knowledge, (2020).

Revistas Figura 1	media Índice de Impacto	Revistas Figura 2	media Índice de Impacto
Forensic Science International-Genetics	4.855	Acs Chemical Neuroscience	4.157
Forensic Science International	2.002	Proceedings of The National Academy of Sciences of The United States of America	9.516
Plos One	2.829	Clinical Microbiology Reviews	19.418
International Journal of Legal Medicine	2.375	Microbiome	9.740

Mitochondrial DNA Part A	0.553	Journal of Forensic Sciences	1.302
Conservation Genetics Resources	0.651	Nature Communications	11.961
Mitochondrial DNA Part B-resources	0.724	Theoretical Population Biology	1.467
Legal Medicine	1.314	Food Control	3.811
Genome	1.702	Genetics	4.170
PEERJ	2.242	Genome Research	10.882
		Saudi Journal Of Biological Sciences	2.621
		Open Biology	4.082

La búsqueda bibliográfica se realizó entre los años 2015 y 2020. En la Figura 3 se puede ver la distribución de los artículos científicos según el año de publicación. El año con mayor número de publicaciones es 2018, mientras que el que menos es 2016.

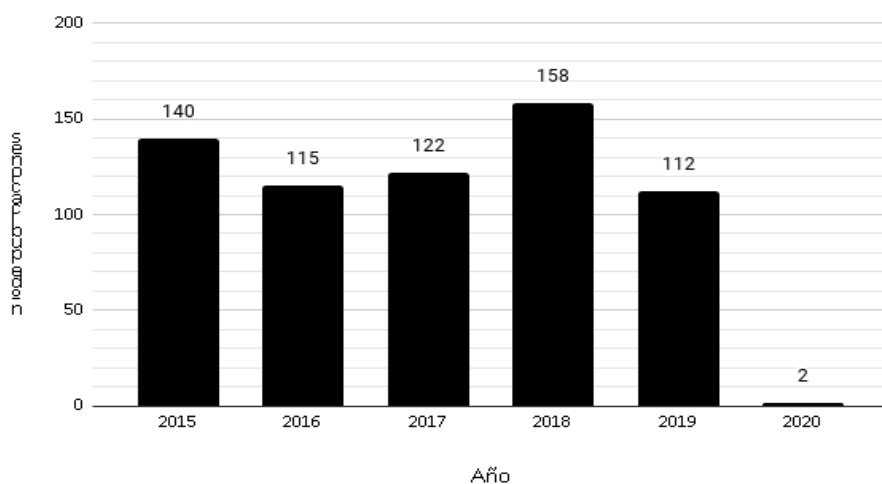


Figura 3: Distribución de publicaciones científicas por año desde el año 2015.

En cuanto al tipo de animal utilizado en el estudio predominan mamíferos e insectos con un 34% y 22% respectivamente. En mamíferos se usan sobre todo roedores y rumiantes, aunque también hay experimentos con animales domésticos, como perros, gatos o caballos; así como salvajes, como elefantes, rinocerontes, pangolines y otras especies amenazadas.

Seguidamente, en un 15% de los estudios se usan bacterias, relacionadas con enfermedades o usadas en microbiología forense. Le siguen los peces y plantas con un 8% en ambos, los peces más usados son los elasmobranquios y especies comercializadas como el salmón o el bacalao. Las especies más usadas en plantas son las usadas en producción de madera, *Cannabis sativa*, *Nicotiana tabacum*, orquídeas y especies de cultivo. Las aves y los reptiles ocupan un 4% y 3% de los estudios respectivamente. Por último, con menos de 10 artículos nos

encontramos hongos, virus, algas, anfibios, protozoos, crustáceos, moluscos y nematodos (Figura 5).

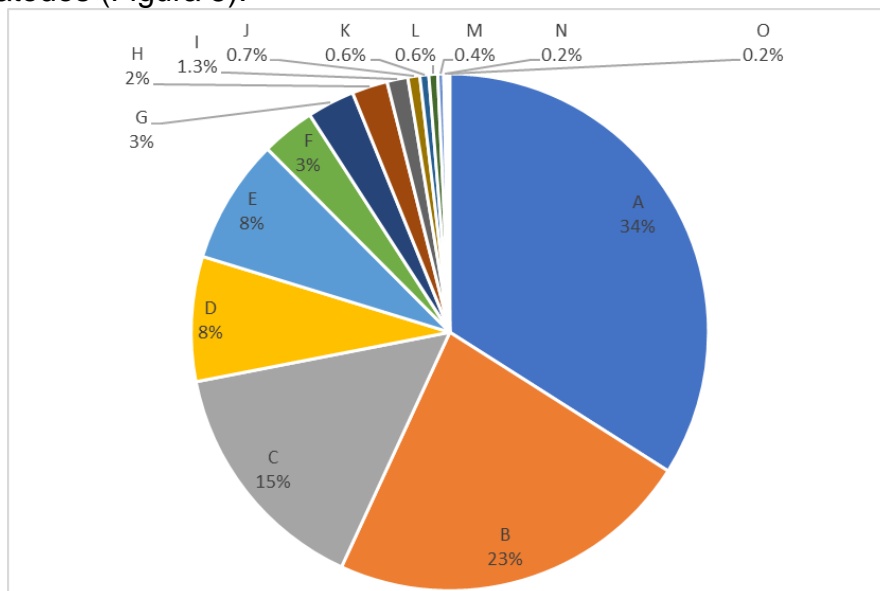


Figura 5: Representación del porcentaje de los distintos tipos de animales utilizados en todos los estudios de la búsqueda bibliográfica. Siendo A (Mamífero), B (Insecto), C (Bacteria), D (Pez), E (Planta), F (Ave), G (Reptil), H (Hongo), I (Virus), J (Alga), K (anfibio), L (molusco), M (protozoo), N (Crustáceo), O (nematodo).

5.2. Exposición de los temas de la búsqueda

a. Trata ilegal de animales

Desde siempre, el tráfico ilegal de especies ha sido uno de los negocios ilícitos que más daño ha hecho al medio ambiente, en cuando a la diversidad de especies en el hábitat. Es uno de los causantes de la disminución del número de individuos en especies vulnerables llegando a causar su extinción. Los objetivos de este negocio son muy variables, desde el comercio de especies exóticas como animales domésticos (Hogg et al., 2018); hasta la caza de animales para obtener materiales como piel (Garofalo et al., 2018; Khan et al., 2018), marfil (S. K. Singh et al., 2019; Winters et al., 2018) y otros órganos, como aletas o huesos que pueden ser usados como alimento o medicina (Chen et al., 2015). En vegetales destaca la tala masiva de árboles y el comercio ilegal de madera (Vlam et al., 2018; Yu et al., 2017).

Una de las características que definen la gran mayoría de estos casos es la dificultad de trabajar con individuos vivos y/o enteros (muchas veces se trabaja con especies con un número de individuos escaso que no solo imposibilita el monitoreo de los individuos sino que también dificulta la toma de muestras), así como la baja calidad de las muestras que se analizan (se suele trabajar con muestras interceptadas en el mercado ilegal, que muchas veces ya están procesadas y son muy difíciles de identificar morfológicamente). Es por eso por

lo que se hace muy necesario el uso de pruebas genéticas o moleculares que nos permitan obtener la máxima información a partir de las muestras obtenidas, cuya cantidad y calidad suele ser baja.

En estos estudios, las muestras se recogen sobre todo en incautaciones, animales en zoológicos, matanzas, muestras de museos, etc. Una vez recogidas las muestras se procede a la extracción del material genético y al genotipado de estas realizando una PCR de los marcadores genéticos seleccionados para después secuenciarlos, normalmente mediante secuenciación Sanger, o analizarlos mediante electroforesis capilar en gel de agarosa. Los marcadores genéticos más utilizados suelen ser microsatélites, STRs (Contina et al., 2019; Stein et al., 2016), secuencias específicas del ADN mitocondrial como el gen citocromo oxidasa I (COI_{mt}) (Ciavaglia et al., 2015; Damasceno et al., 2016), el citocromo b (Linacre y Chun-I Lee, 2016; Silva-Neto et al., 2016), así como secuencias específicas del ADN del cloroplasto (Chaves et al., 2018). Una vez obtenida la secuencia de los genes se efectúan los cálculos estadísticos correspondientes, como en el caso de Hogg et al. (2018) en el que se calcularon las diferencias entre secuencias, relaciones familiares entre individuos salvajes y en cautividad, así como la estructura y la diversidad genética de ambas comunidades para identificar la caza ilegal de animales silvestres vendidos como criados en cautividad; y/o se comparan las secuencias con bases de datos como GenBank para identificar la especie, subespecie y sexo de las muestras, en el caso de analizar cromosomas sexuales.

Pero no solo se identifican especies, una de las utilidades de los marcadores genéticos es conocer la distribución geográfica de una especie, esto ayuda a identificar el origen de un individuo y poder reforzar las medidas o encontrar a los culpables del delito. Se están investigando marcadores genéticos que puedan ofrecer más precisión en cuanto a la determinación geográfica de una especie, algunos ejemplos serían el citocromo b parcial y el gen ND1 (subunidad 1 de NADH deshidrogenasa) en perros y gatos (Luisa Garofalo et al., 2018), o fragmentos específicos de perro, pato, búfalo, cabra y oveja del gen de la citocromo oxidasa I (COI) mitocondrial (Thanakiatkrai et al., 2019). Hay un caso particular (Frantz et al., 2017) en el que se usaron marcadores genéticos geográficos para conocer el origen de las translocaciones clandestinas de ciervo rojo, una especie muy típica en la caza en Bélgica, producidas no solo con fines deportivos, sino también para aumentar la calidad de los trofeos, reducir la endogamia o mitigar los cuellos de botella después de una persecución excesiva. Estas translocaciones producían un desenfoque en la estructura genética a gran escala, y sin una cuarentena adecuada existía el riesgo de introducir patógenos en poblaciones autóctonas potencialmente ingenuas inmunológicamente.

b. Control del comercio y alimentación

En este apartado se ven reflejados sobre todo casos de fraude alimentario, donde se viola la legislación alimentaria para obtener un beneficio económico

mediante el engaño al consumidor sobre la información del producto que está comprando. El fraude alimentario se produce cuando un producto no cumple con la legislación; no se producen siguiendo el proceso establecido, no contienen los ingredientes adecuados o no coinciden con la etiqueta y el origen declarado, entre otros. Muchos casos son de productos mal etiquetados, en los que se indica una especie de buena calidad, pero que ha sido sustituida por otra de menor calidad, como ocurre en el caso de Gomes et al. (2019), en el cual, mediante la secuenciación y el análisis de genes mitocondriales, en concreto la subunidad I de la citocromo oxidasa y el citocromo b, alrededor del 16% de los filetes analizados supuestamente identificados como *Sciades parkeri*, una especie de pez con alta presión de pesca y considerada vulnerable, fueron reemplazados por *Sciades proops*, generando así el fraude. También hay casos de mal seguimiento de determinadas pautas de captura (Horreo et al., 2017) o de un procesado ilegítimo del producto. Esto no solo puede producir un fraude económico, sino también sanitario, ya que estos productos pueden provenir de especies de baja calidad, tóxicas o contaminadas, como es el caso de Kleta et al. (2017), donde se investigaron alimentos con *Listeria monocytogenes* que tenían una distribución temporal y espacial entre 2012 y 2016 en el sur de Alemania. Previo al estudio se había realizado un análisis de los hábitos de consumo de alimentos de los pacientes infectados por *Listeria* esos años y no identificó el alimento causante. Con este estudio se analizaron 543 aislamientos ambientales de *L. monocytogenes* que se correspondían con la distribución espacial y temporal de los casos. Estos aislamientos se habían adquirido de matrices de alimentos y plantas de procesamiento de alimentos en los lugares afectados. Se realizaron análisis de PFGE (Electroforesis en gel de campo pulsado) y una posterior secuenciación del genoma completo y tipificación de secuencia multilocus del genoma central. Estos aislamientos se compararon con las muestras humanas y se llegó a una planta procesadora, donde también había otros productos contaminados. A finales de mayo de 2016 se prohibió la venta de todos los productos alimenticios de este productor de carne y se retiraron los que ya estaban en el mercado. El muestreo ambiental de la planta sospechosa condujo a la identificación de un posible punto crítico de contaminación. Sin embargo, no se dispuso de aislamientos para secuenciar para confirmar esta hipótesis de que el productor fuera la fuente de las infecciones. Como conclusión se llegó a que el análisis epidemiológico no proporcionó la información necesaria para determinar la fuente del brote, y la Genética Forense se volvió fundamental para tomar las contramedidas adecuadas. La salud pública podría beneficiarse de la vigilancia molecular continua de los aislamientos de seres humanos y alimentos, lo que podría permitir detener los brotes de enfermedades infecciosas antes de la emergencia.

Por otro lado, este tema está muy relacionado con el de la trata ilegal de animales, ya que puede haber especies vulnerables que resultan afectadas. Kumar et al. (2019) identificaron especies afectadas por la caza furtiva ya modificadas y procesadas para su comercialización, se detectó el comercio ilegal en curso de cinco de los animales más amenazados del este de la India, como

los mamíferos *Bos gaurus*, *Neofelis nebulosa*, *Rhinoceros unicornis*, y reptiles *Lepidochelys olivacea* y *Python molurus*. Así como especies salvajes que son vendidas como criadas en cautividad, un ejemplo es el que expone Summerell et al. (2019), donde mediante el análisis del gen Citocromo b de individuos de *Tachyglossus aculeatus*, un tipo de equidna australiano, se comprobó el origen de los individuos muestreados en zoológicos y comparados con ejemplares salvajes y se determinó qué individuos sufrían este tipo de fraude.

Se puede determinar si un producto es ilegal o no dependiendo del origen, usando, por ejemplo, un panel de loci de microsatélites de la muestra de estudio junto con una línea de base genética de individuos de la zona para comparar (Horreo et al., 2017; S. K. Singh et al., 2019); o la especie identificada, en estos casos, se amplifican y se secuencian marcadores genéticos de código de barras para después poder comparar con bases de datos y así identificar la especie (de Boer et al., 2017; Fields et al., 2018; Sultana et al., 2018). Además, muchos casos son detectados cuando el producto ya está a la venta, la identificación morfológica es imposible y es necesaria la utilización de la Genética Forense para identificar la especie y resolver el problema.

Como el control del comercio se centra en gran parte en la venta de productos alimentarios y pieles, hay muchos más estudios en animales salvajes y por lo tanto se han utilizado una mayor variedad de marcadores genéticos. Sin embargo, aunque en menor medida, también hay estudios con animales domésticos, como gatos o perros (L Garofalo et al., 2018; Mariacher et al., 2019; Thanakiatkrai et al., 2019), que pueden sustituir la carne y piel de otros animales. También hay casos de diferenciación entre una especie domesticada y otra salvaje, como por ejemplo en Rębała et al. (2016), donde se probó la solidez de 16 STRs y un marcador de amelogenina específico de género en la discriminación entre subespecies de cerdos salvajes y domésticos en Europa, con el objetivo de generar una herramienta altamente eficiente para la diferenciación entre subespecies de cerdos salvajes y domésticos, útil en investigaciones forenses de crímenes de vida silvestre, seguridad de la salud pública veterinaria, control de parentesco en la cría de animales, gestión de la seguridad alimentaria y trazabilidad de los productos ganaderos.

c. Uso de animales en prácticas forenses a humanos

Uno de los objetivos de la Medicina Forense es la de dictaminar el origen de las lesiones sufridas por un herido o la causa de la muerte mediante el examen de un cadáver para la resolución de problemas judiciales. Lo más habitual en el uso de la Genética Forense es la identificación de patógenos en el cadáver (Bowen et al., 2016). Un dato importante que aporta es el intervalo *post mortem* (IPM) que se define como el tiempo transcurrido entre la muerte y el descubrimiento de un cadáver, o también, al periodo de tiempo que ha estado un cadáver expuesto al ambiente. Hay diferentes formas de estimar el IPM (Goff et al., 1988), dependiendo del estado del cadáver. Cuando el cadáver está en

avanzado estado de putrefacción, la estimación de la fecha de la muerte se basa sobre todo en el estudio de la sucesión de insectos que acuden al cuerpo muerto, atraídos por la materia orgánica en descomposición o por diversos productos derivados de la putrefacción (Pinheiro, 2006). En este campo la Genética Forense ha tenido un papel muy importante en los últimos años, ya que, cuando la identificación mediante caracteres morfológicos es complicada o imposible, la identificación molecular resulta la opción más idónea, no solo de la especie sino también del estado del individuo (larva, pupa o adulto) identificando ciertos genes que se activan en los distintos estados vitales.

Por otro lado, hay estudios que analizan las comunidades microbianas del suelo para identificar el escenario en donde ha ocurrido el crimen (Demanèche et al., 2017; Young et al., 2015).

Dependiendo del tipo de colonizador, la Genética se puede aplicar a diversas ramas de estudio, las más comunes son la Entomología, Microbiología y Micología forenses. La identificación tradicional basada en la morfología ha sido efectiva, pero tiene algunas limitaciones cuando se trata de identificar etapas inmaduras de ciertas especies. En los últimos años, la Genética se ha abierto paso en la Medicina forense ayudando a determinar, no solo la especie colonizadora de los restos, sino también el estadio en que se encuentra y así poder extrapolar esa información a la estimación del IPM (Angulo Cortes et al., 2015).

Uno de los procesos más estudiados en este tema, es la determinación de la edad y/o la etapa de crecimiento de los distintos individuos que colonizan un cadáver. Zajac et al. (2015) hicieron un estudio en el que se analizó el transcriptoma de las pupas del díptero *Calliphora vicina* en 15 etapas de desarrollo diferentes, estudiando diferentes marcadores genéticos presentes en cada etapa. Los datos obtenidos están sirviendo como base para establecer técnicas de determinación de la edad molecular. Además, este análisis permitió conocer la actividad genética del desarrollo pupal y la relación entre diferentes genes interesantes para el desarrollo de insectos en general. Como este, ha habido muchos otros estudios siguiendo la misma línea de estudio en diversas localizaciones utilizando otras especies de interés forense (Shin et al., 2015; Wang et al., 2015; Youssef-Vanegas y Agnarsson, 2017). Las familias de dípteros más comunes en estos estudios son *Calliphoridae*, *Sarcophagidae* y *Muscoidae*.

También hay estudios con otros artrópodos. En Chimeno et al. (2019) se obtuvieron secuencias de código de barras de ADN de la Subunidad I del citocromo c oxidasa de cientos de artrópodos usados en prácticas forenses, estableciendo una base de datos con información de 88 especies de artrópodos de interés forense, entre los cuales incluían las familias *Diptera*, *Hymenoptera*, *Isopoda* y *Mesostigmata*. Otros grupos que se estudian genéticamente en Entomología Forense son los coleópteros (Caneparo et al., 2017; Gómez y Kolokotronis, 2017; Mashaly et al., 2018)

En la descomposición de un cadáver también intervienen microorganismos, como las bacterias, microalgas o protozoos. Las bacterias que intervienen en este

proceso pueden ser tanto pertenecientes a la microbiota del cadáver o pertenecientes al ambiente. Un estudio (Hyde et al., 2015) evaluó el cambio en la estructura de la comunidad bacteriana a lo largo del tiempo en dos cadáveres colocados al aire libre mediante el análisis del gen del ARN 16S ribosómico bacteriano. Se vio como la comunidad bacteriana fue variando, no solo en el tiempo si no también dependiendo de la zona muestreada. Durante hinchazón y la purga y hasta que los tejidos comenzaron a deshidratarse o eliminarse, eran comunes las bacterias asociadas con las moscas. Después de la deshidratación y la esqueletización, las bacterias asociadas con el suelo, como *Acinetobacter*, se vieron más presentes. Hay otros artículos (Guo et al., 2016) donde no se encontró tanta evidencia de bacterias asociadas a moscas. Otro estudio (Benbow et al., 2015) describió las comunidades bacterianas que colonizaban un cadáver sumergido en agua, circunstancias en las que los insectos y otros invertebrados se han utilizado con poca frecuencia para comprender el momento de la inmersión *post mortem*. En este estudio se vio una mayor riqueza de géneros de bacterias colonizadoras, así como microalgas, que difería bastante de otros estudios en tierra.

En cuanto al microbioma humano como indicador del IPM también hay bastante investigación, no solo para estimar el IPM, sino también para la identificación genética de individuos a partir de su microbioma (Franzosa et al., 2015; Schmedes et al., 2018) o la identificación de fluidos corporales (Hanssen et al., 2017). Hay estudios, (Hauther et al., 2015) donde se evaluaron las poblaciones bacterianas intestinales humanas para determinar los cambios cuantificables y dependientes del tiempo *post mortem*. Se vio que las abundancias relativas de *Bacteroides* y *Lactobacillus* disminuyeron exponencialmente con el aumento del IPM. En otro estudio (DeBruyn y Hauther, 2017) la secuencia del gen 16S rRNA reveló que, con el tiempo, la riqueza bacteriana aumentó significativamente, mientras que la diversidad disminuyó. También se observó que la composición de comunidades de *Bacteroidales* (*Bacteroides*, *Parabacteroides*) disminuyeron significativamente, mientras que *Clostridiales* (*Clostridium*, *Anaerospaera*) aumentaron, junto con comunidades de bacterias asociadas a moscas.

d. Tráfico ilegal de drogas

El narcotráfico es el comercio de sustancias tóxicas, que engloba la fabricación, distribución, venta, control de mercados y reciclaje de estupefacientes, adictivos o no, potencialmente dañinos para la salud (conocidos comúnmente como drogas). La mayoría de las legislaciones internacionales prohíben o limitan el tráfico de drogas, aunque esto varía en función de la sustancia y de la legislación local. La justicia va detrás del tráfico ilegal de estas sustancias, y la Genética Forense puede llegar a ser de gran ayuda en estos casos.

Una de las plantas más estudiadas en el ámbito de la Genética Forense es el cannabis. Por un lado, representa un mercado en crecimiento para los sectores farmacéutico y agrícola. Por otro lado, estas plantas sintetizan el THC (tetrahidrocannabinol), un psicoactivo con el que se produce la droga ilícita más extendida en el mundo (Dufresnes et al., 2017). La dificultad para distinguir entre estas variedades basándose en características morfológicas o bioquímicas es difícil, causando la imposibilidad de controlar el uso de un tipo u otro de sustancia, poniendo así trabas al desarrollo de programas prometedores con el uso del cannabis en la industria farmacéutica y a la vez dificultando la lucha contra el narcotráfico. La genética ofrece una alternativa adecuada para caracterizar el Cannabis fármaco frente al no fármaco.

En los últimos años, el análisis del ADN del cannabis se ha utilizado cada vez más en las pruebas forenses de drogas. Dufresnes et al. (2017) hicieron un estudio en el que proporcionaron marcadores moleculares para diferenciar las variedades de cannabis mediante el genotipado de 13 loci de STRs en muestras seleccionadas específicamente para la producción de fibra y drogas. Con este estudio mostraron que la firma genética de los cultivos de marihuana podría usarse para rastrear los diferentes tipos de sustancias. Como este hay otros estudios forenses sobre el cannabis, utilizando diferentes marcadores como sondas de hibridación in situ fluorescente (FISH) de 1-kbTHCA sintasa (Jeangkhwoa et al., 2017), mediante cromatografía de ADN (Yamamuro et al., 2018), así como diferentes STRs (Houston et al., 2017, 2018).

Sin embargo, en el caso de la resina de cannabis, de donde se elabora el hachís, se requieren procedimientos más complicados para la extracción de ADN limpio, ya que la presencia de diversas impurezas e inhibidores de la PCR dificultan el proceso. Yamamuro et al. (2018) intentaron dar con la solución desarrollando un método para obtener una solución de ADN purificado a partir de la resina de cannabis utilizando un kit de extracción de ADN comercial. En particular, se examinaron dos kits de extracción, así como los efectos de diluciones y adsorbentes para inhibidores de la PCR. También se podría aplicar para facilitar la extracción del ADN de los cogollos, las hojas y otros productos de cannabis procesados. Con este proceso se espera obtener más información de las muestras que normalmente se descartan.

En cuanto a otros organismos, en este tema también se estudian, aunque en menos medida, los hongos psicodélicos. Estos hongos contienen principios activos con propiedades alucinógenas como el ácido iboténico, psilocibina, psilocina o baeocistina. Al tener los hongos etapas vitales diferentes entre sí, la identificación taxonómica tradicional no es factible en según qué etapas, como en el micelio. Solano et al. (2019) describieron el análisis morfológico, químico y genético de micelios de hongos psicodélicos recolectados en un laboratorio clandestino. En los resultados se mostró que *Psilocybe cubensis* era la única especie presente y la autenticación molecular demostró que tanto el micelio como los cuerpos fructíferos son buenas fuentes de ADN, que se pueden utilizar para el análisis de autenticación mediante HRM (*High Resolution Melting Analysis*),

cuyo el poder para distinguir los hongos y autenticar diferentes estructuras, como micelios y cuerpos fructíferos, se confirmó en este estudio, y secuenciación.

e. Monitoreo de especies

El monitoreo es una actividad importante en la conservación de la biodiversidad (Marsh y Trenham, 2008), y se ha descrito como la pieza central de la conservación de la naturaleza en todo el planeta (Schmeller, 2008). Consiste en hacer observaciones confiables en la naturaleza para detectar, medir, evaluar los cambios que ocurren en las especies y ecosistemas de manera natural o como consecuencia de intervenciones humanas. Este puede realizarse a diferentes escalas, nacional, regional o mundial.

Uno de los usos del monitoreo de especies es el control de plagas. En estas situaciones, la Genética Forense aporta una gran ayuda ya que nos permite identificar genéticamente las especies implicadas lo que nos da información, no solo de cómo controlar las plagas, sino también para el desarrollo de mejores métodos de manejo de enfermedades transmitidas por vectores. Hay un estudio (Leitch et al., 2015) en el que se identifican las familias de genes quimiosensoriales antenales de la mosca azul *Calliphora stygia* mediante análisis transcriptómico, aportando información sobre sus capacidades olfativas. Esto tiene beneficios potenciales para el control de plagas ya que puede ayudar a comprender la resistencia de esta especie a ciertos insecticidas y proporciona información valiosa para el control dirigido a través de comparaciones entre otras especies. También hay estudios como Singh et al. (2015) que proporciona información sobre las comunidades bacterianas asociadas con las diferentes etapas de la vida de los dípteros *Lucilia sericata* (Meigen) y *Lucilia cuprina* (Wiedemann) y su transmisión horizontal y transgeneracional. Este tipo de investigaciones pueden ayudar en el desarrollo de métodos de manejo y control de enfermedades transmitidas por vectores.

Por otro lado, la identificación de especies, así como la determinación de la variedad genética de una población que nos aporta la Genética Forense se pueden aplicar en el monitoreo de especies vulnerables o en peligro de extinción. Con esta información, se puede observar la evolución de diferentes poblaciones y la interacción de estas entre ellas o con agentes externos y así poder predecir futuros eventos en la especie. Cada vez más se está apostando por técnicas de muestreo no invasivas (MIS) en las que, sin manipular o incluso observar a un animal, se puede obtener información genética sobre individuos o poblaciones a través de recolección de pelo, piel, heces, etc. Estas muestras suelen producir cantidades de ADN de baja calidad, lo que disminuye el tipo de métodos moleculares que pueden utilizarse, aunque hay estudios que investigan un conjunto en expansión de métodos y plataformas genómicos compatibles con la producción de genotipos a partir de MIS, considerando los costos de desarrollo y las tasas de error. Carroll et al. (2018) hace una revisión detallada de

metodologías moleculares que son adecuadas para analizar muestras no invasivas de baja calidad, como plataformas de secuenciación, en su mayoría analizando SNPs, aunque también nombra una secuenciación de microsatélites; métodos de enriquecimiento objetivo, cuyo objetivo es capturar selectivamente las regiones genómicas de interés antes de la secuenciación de alto rendimiento, siendo una forma muy sensible de obtener datos genómicos de forma selectiva y reproducible; así como estrategias para el control de calidad de los datos de genotipo obtenidos, como llamar a todos los posibles genotipos en un locus SNP con las correspondientes probabilidades que resumen la de los datos leídos. Consideran urgente adaptar o desarrollar métodos estadísticos para aprovechar estas probabilidades de genotipo, ya que es un obstáculo considerar varios posibles en lugar de un solo genotipo en cada locus para cada individuo, aunque cada vez hay algoritmos más sofisticados y junto con la paralelización se puede mitigar este problema. Este mismo estudio recomienda para mejorar la calidad de los datos mejorar la cantidad y la calidad del ADN, reducir la contaminación, mejorar los protocolos de PCR y emplear buenas prácticas de laboratorio y otras mejoras técnicas.

El monitoreo de especies tiene mucha relación con temas anteriores, ayuda a gestionar la caza y la pesca, como en Dahle et al. (2018), donde se hizo un programa de manejo genético de la pesca de poblaciones mixtas del bacalao del Atlántico (*Gadus morhua* L). Se monitorearon poblaciones de bacalao del Ártico nororiental y de bacalao costero noruego basándose en el análisis del gen de la pantofisina. El programa permitió gestionar activamente la explotación comercial del bacalao del Ártico nororiental, al tiempo que limitó la explotación del bacalao costero noruego, una población más frágil.

En plantas, el uso de la Genética Forense en el monitoreo ayuda a conocer la distribución de especies o poblaciones en ciertos lugares, tenemos como ejemplo Zhang et al. (2016), donde se examinó la diversidad genética y la estructura de poblaciones nativas y no nativas de *Pinus dabeshanensis*, una especie vulnerable, utilizando 10 loci de microsatélites, con el objetivo de mejorar su conservación. Este estudio concluye en que para asegurar la evolución a largo plazo de *Pinus dabeshanensis* se debe preservar la variación genética que se ha visto tanto en poblaciones silvestres como en entornos no nativos. El aumento de las poblaciones cultivadas artificialmente que ha sido establecido debe desarrollarse como una medida complementaria eficaz, aunque hay que centrarse primero en la protección de las poblaciones silvestres nativas, mas difíciles de recuperar.

6. Discusión

Si comenzamos hablando del número de artículos encontrados en los diferentes buscadores, vemos que hay muchos más resultados en la búsqueda con *Web of Science* que con *Scopus*, a pesar de que el número de revistas indexadas es mayor en *Scopus* que el *Web of Science*, según Hernández-

González et al. (2016) y López-Illescas et al. (2008). Lo importante aquí es que durante el descarte de artículos que no tienen que ver con el tema de interés en esta revisión bibliográfica un 64 % de los artículos fueron descartados por no cumplir los requisitos, esto puede dar a entender, por un lado, que el tipo de palabras clave utilizadas pueden no haber sido las más correctas o precisas a la hora de hacer la búsqueda, que estas puedan referirse a un tema más general del que se investiga en este trabajo, por lo que no ha dado lugar a la obtención de artículos con el tema de interés; así como, por otro lado, que algunas de estas palabras clave se pueden usar de forma equívoca o confusa por parte del investigador a la hora de identificar un artículo por lo que puede llevar a errores en la búsqueda de artículos afines al tema en cuestión.

Si comparamos las Figuras 1 y 2 podemos ver que muchas de las revistas con mayor media de citas por artículo no coinciden con las revistas con más artículos publicados. Según la Tabla 2 revistas representadas en la Figura 2 como *Proceedings of The National Academy of Sciences of The United States of America*, *Clinical Microbiology Reviews*, *Microbiome* o *Nature Communications* tienen un Índice de Impacto mayor a 8, mientras que en el resto de las revistas representadas tanto en la Figura 1 como 2, el Índice de Impacto es menor a 5. Con esto podemos llegar a la conclusión de que existe una relación con el índice de impacto de las diferentes revistas y que no coincidan los artículos más citados con las revistas con más publicaciones.

Si miramos los artículos publicados cada año, se puede ver que la tendencia en estos últimos años ha sido estable y que no ha habido ningún aumento o disminución significativas en el número de publicaciones anuales. Se podría considerar para próximos trabajos el ampliar el número de años para poder analizar la evolución de este tema a lo largo del tiempo.

A la hora de identificar los diferentes tipos de animales usados en los diferentes estudios sobre Genética Forense no humana se ve como hay un gran porcentaje de mamíferos e insectos, esto no es extraño al haber hablado de temas como la Trata ilegal de animales o el Control del comercio y alimentación, donde en gran parte se investigan casos de mamíferos; así como el tema del Uso de animales en prácticas forenses a humanos, donde destaca la Entomología forense, sobre todo el estudio de dípteros en prácticas forenses. Seguidamente encontramos a las bacterias, de las que se mencionan en los de temas de Uso de animales en prácticas forenses a humanos y de Monitoreo de especies, donde se habla del control de plagas y de la transmisión de enfermedades a través de vectores. En cuanto a plantas se han encontrado pocos artículos, en relación con otros grupos, aunque tienen gran representación en el tema del Tráfico de drogas.

En cuanto a las aplicaciones actuales de la Genética forense no-humana observamos que a pesar de realizarse en seres vivos no-humanos, la aplicación directa en su gran mayoría es sobre el ser humano. Esto se aprecia no solo en el uso de animales en prácticas forenses, donde dichas prácticas se realizan mayoritariamente en humanos, sino también en los casos de control de comercio,

tráfico de drogas, donde el objetivo final es regular actividades humanas. Esto se puede entender ya que las primeras investigaciones forenses se interesaban y estudiaban directamente el ser humano. Poco a poco se fueron estudiando otros seres vivos en relación con este, por ejemplo, en los casos de asesinato se estudian los organismos que colonizan el cuerpo una vez muerto, tanto microorganismos (Kakizaki et al., 2018) como invertebrados, de los que hemos hablado en el tema de Uso de animales en prácticas forenses a humanos. Sobre este tema se han elaborado diversos estudios, aunque no siempre se llegan a las mismas conclusiones. En el estudio de microorganismos colonizadores de cuerpos en descomposición, hemos comentado el caso de Hyde et al. (2015), donde se observó un progresión de microorganismos colonizadores que comenzaba con bacterias asociadas a moscas y que iba evolucionando hasta ser desplazada por bacterias del suelo, pero esto puede no ocurrir si se trabaja en otras circunstancias, en Guo et al. (2016), por ejemplo, no se encontraron bacterias asociadas a moscas. Al igual que Hauther et al. (2015) vieron una disminución exponencial de las abundancias relativas de *Bacteroides* y *Lactobacillus* mientras que en estudios como DeBruyn y Hauther (2017) se vio que la riqueza bacteriana aumentó significativamente, mientras que la diversidad disminuyó. Por eso hay que tener en cuenta que las conclusiones a las que llegan en estos estudios van muy ligadas a las condiciones a las que se somete el caso, así como las especies que se estudian o el lugar donde se realiza el estudio. De todas maneras, en conjunto, estos estudios nos proporcionan una gran cantidad de información sobre las diversas condiciones en las que un cadáver en descomposición puede evolucionar.

Más tarde se fue aplicando al resto de temas, en los que encontramos el control de comercio y tráfico de drogas, por un lado, donde se controlan acciones humanas y pretende evitar que otras personas sufran a causa de estos delitos, ya sea por intoxicación, consumo de sustancias nocivas para la salud, transmisión de enfermedades etc.; y por el otro lado la trata ilegal y el monitoreo de especies, donde se intenta alejar del estudio de la figura humana y se centra en un determinado organismo con el objetivo de conocer su evolución y poder aplicar las medidas necesarias para mantenerla. Es verdad que estos temas han sufrido una gran evolución desde que comenzaron. Aquí se ha visto, sobre todo, muchos avances en las técnicas utilizadas; hemos hablado de la identificación de especies a partir de la resina de cannabis (Yamamuro et al., 2018), de hongos psicodélicos a partir de muestras de micelio (Solano et al., 2019), así como métodos para trabajar con técnicas de muestreo MIS (Carroll et al., 2018). Estos avances, en gran parte son gracias a la Genética Forense, pero a diferencia del Uso de animales en prácticas forenses a humanos, aún tienen un largo camino por recorrer.

Si observamos los diferentes temas, vemos que el procedimiento que siguen los numerosos estudios es muy parecido, siempre usando técnicas modernas como la PCR, la secuenciación, o técnicas de muestreo no invasivas (MIS). Pero estas se pueden combinar con técnicas más clásicas como análisis

estadístico, estudios epidemiológicos, cálculos de relaciones familiares entre individuos, la estructura y la diversidad genética (Hogg et al., 2018). Como ya se ha comentado, las muestras se recogen sobre todo en incautaciones, inspecciones, animales en zoológicos, matanzas, muestras de museos, etc. De las muestras se extrae el material genético y se amplifica para después realizar las pruebas necesarias en cada trabajo. Lo más común es la purificación de la muestra mediante electroforesis en gel de agarosa y la secuenciación de las muestras ya amplificadas para su posterior comparación con bases de datos como GenBank o con muestras de interés que hacen de control para comparar.

Pero hay algunos estudios más exhaustivos, como por ejemplo Winters et al. (2018), cuyo objetivo era determinar dónde está más concentrado el ADN en las muestras de marfil y cuál es la mejor manera de aumentar el rendimiento del ADN extraído, en este estudio se realizó una serie de experimentos para optimizar el éxito de amplificación del ADN de muestras de marfil enteras y trabajadas, así como se evaluó el éxito de amplificación del ADN cuando se extrae ADN del cemento, la dentina o las capas combinadas del colmillo, también hicieron pruebas con la desmineralización con ácido etilendiamina-tetraacético (EDTA), como comprobar el éxito de amplificación de ADN de la extracción del pellet, el sobrenadante, o ambos combinados en una desmineralización completa modificada (digestión realizada después de la incubación inicial en EDTA solamente), así como probar los efectos de distintas desmineralizaciones variando el tiempo y la temperatura. Un ejemplo parecido en plantas sería Yamamuro, et al. (2018), en el que se realizan diferentes pruebas para conseguir amplificar la resina de cannabis, difícil de amplificar por la presencia de inhibidores de la amplificación.

6. Conclusiones

En definitiva, los avances tanto tecnológicos como de conocimiento del genoma están permitiendo identificar con mayor exactitud y detalle las especies o subespecies implicadas, así como el tipo de material, órgano o tejido identificado y otra mucha información como el origen y distribución geográfica, la relación familiar entre individuos, el nivel de endogamia de una comunidad, la proporción de sexos de esta, etc. Todo esto lo podemos utilizar en nuestro beneficio y el de las especies implicadas.

En cuanto al análisis genético de seres vivos encontrados en la escena del crimen, nos aporta una gran cantidad de información sobre las circunstancias en las que la víctima ha fallecido o ha sido herida. Este es un tema de estudio que tiene mucha trayectoria anterior, pero que cada vez se investigan más diferentes aspectos, por lo que siempre está en auge.

En la resolución de los casos de comercio fraudulento que se encuentran actualmente. Nos permiten conocer, no solo la especie o el sexo al que pertenece la muestra, sino también su origen geográfico o taxonómico, la edad y otros

factores que nos permiten determinar si una muestra analizada puede o no ser comercializada en dichas circunstancias. Con este propósito, se mejoran los proyectos de protección ambiental o de especies vulnerables, así como los de control de tráfico de drogas o el monitoreo de especies entre otros.

8. Bibliografía

- Angulo Cortes, V. K., Baquero Moreno, L. M., y Salazar Restrepo, A. M. (2015). *La genética y la entomología forense soporte fundamental para la investigación de un homicidio, en un cuerpo en estado de descomposición*.
<http://repository.ugc.edu.co/handle/11396/4849>
- Benbow, M. E., Pechal, J. L., Lang, J. M., Erb, R., y Wallace, J. R. (2015). The Potential of High-throughput Metagenomic Sequencing of Aquatic Bacterial Communities to Estimate the Postmortem Submersion Interval. *Journal of Forensic Sciences*, 60(6), 1500–1510. <https://doi.org/10.1111/1556-4029.12859>
- Blake, E., Mihalovich, J., Higuchi, R., Walsh, P. S., y Erlich, H. (1992). Polymerase chain reaction (PCR) amplification and human leukocyte antigen (HLA)-DQ α oligonucleotide typing on biological evidence samples: casework. *Journal of Forensic Sciences*, 37(3), 700–726.
<https://doi.org/https://doi.org/10.1520/JFS11984J>. ISSN 0022-1198
- Bowen, C. D., Renner, D. W., Shreve, J. T., Tafuri, Y., Payne, K. M., Dix, R. D., Kinchington, P. R., Gatherer, D., y Szpara, M. L. (2016). Viral forensic genomics reveals the relatedness of classic herpes simplex virus strains KOS, KOS63, and KOS79. *Virology*, 492, 179–186. <https://doi.org/10.1016/j.virol.2016.02.013>
- Butler, J. M. (2006). Genetics and genomics of core short tandem repeat loci used in human identity testing. *Journal of Forensic Sciences*, 51(2), 253–265.
<https://doi.org/10.1111/j.1556-4029.2006.00046.x>
- Caneparo, M. F. C., Fischer, M. L., y Almeida, L. M. (2017). Effect of Temperature on the Life Cycle of *Euspilotus azureus* (Coleoptera: Histeridae), a Predator of Forensic Importance. *Florida Entomologist*, 100(4), 795–801.
<https://doi.org/10.1653/024.100.0404>
- Carroll, E. L., Bruford, M. W., DeWoody, J. A., Leroy, G., Strand, A., Waits, L., y Wang, J. (2018). Genetic and genomic monitoring with minimally invasive sampling methods. *Evolutionary Applications*, 11(7), 1094–1119.
<https://doi.org/10.1111/eva.12600>
- Chaves, C. L., Degen, B., Pakull, B., Mader, M., Honorio, E., Ruas, P., Tysklind, N., y Sebbenn, A. M. (2018). Assessing the Ability of Chloroplast and Nuclear DNA Gene Markers to Verify the Geographic Origin of Jatoba (*Hymenaea courbaril* L.) Timber. *Journal of Heredity*, 109(5), 543–552.
<https://doi.org/10.1093/jhered/esy017>
- Chen, J., Jiang, Z., Li, C., Ping, X., Cui, S., Tang, S., Chu, H., y Liu, B. (2015). Identification of ungulates used in a traditional Chinese medicine with DNA barcoding technology. *Ecology and Evolution*, 5(9), 1818–1825.
<https://doi.org/10.1002/ece3.1457>
- Chimeno, C., Morinière, J., Podhorna, J., Hardulak, L., Hausmann, A., Reckel, F., Grunwald, J. E., Penning, R., y Haszprunar, G. (2019). DNA Barcoding in Forensic Entomology – Establishing a DNA Reference Library of Potentially Forensic

- Relevant Arthropod Species. *Journal of Forensic Sciences*, 64(2), 593–601.
<https://doi.org/10.1111/1556-4029.13869>
- Ciavaglia, S. A., Tobe, S. S., Donnellan, S. C., Henry, J. M., y Linacre, A. M. T. (2015). Molecular identification of python species: Development and validation of a novel assay for forensic investigations. *Forensic Science International: Genetics*, 16(Ciavaglia), 64–70. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2014.12.002>
- Cobain, I. (2016). *Killer breakthrough – the day DNA evidence first nailed a murderer*. <https://www.theguardian.com/uk-news/2016/jun/07/killer-dna-evidence-genetic-profiling-criminal-investigation>
- Contina, A., Alcantara, J. L., Bridge, E. S., Ross, J. D., Oakley, W. F., Kelly, J. F., y Ruegg, K. C. (2019). Genetic structure of the Painted Bunting and its implications for conservation of migratory populations. *Ibis*, 161(2), 372–386.
<https://doi.org/10.1111/ibi.12641>
- Corach, D., Hidding, M., y Honda, K. (1997). Evaluation of Y-chromosomal STRs: A multicenter study Southeast Asian diversity: first insights into the complex mtDNA structure of Laos View project STRAND Working Group View project. *International Journal of Legal Medicine*, 110(3), 125–133.
<https://doi.org/10.1007/s004140050051>
- Dahle, G., Johansen, T., Westgaard, J. I., Aglen, A., y Glover, K. A. (2018). Genetic management of mixed-stock fisheries “real-time”: The case of the largest remaining cod fishery operating in the Atlantic in 2007–2017. *Fisheries Research*, 205, 77–85. <https://doi.org/10.1016/j.fishres.2018.04.006>
- Damasceno, J. S., Siccha-Ramirez, R., Oliveira, C., Mendonça, F. F., Lima, A. C., Machado, L. F., Tosta, V. C., Farro, A. P. C., y Hostim-Silva, M. (2016). Molecular identification of Atlantic goliath grouper *epinephelus itajara* (Lichtenstein, 1822) (Perciformes: Epinephelidae) and related commercial species applying multiplex PCR. *Neotropical Ichthyology*, 14(3). <https://doi.org/10.1590/1982-0224-20150128>
- Dang, W., Shang, S., Zhang, X., Yu, Y., Irwin, D. M., Wang, Z., y Zhang, S. (2020). A novel 13-plex STR typing system for individual identification and parentage testing of donkeys (*Equus asinus*). *Equine Veterinary Journal*, 52(2), 290–297.
<https://doi.org/10.1111/evj.13158>
- Dausset, J. (1958). Iso-leuco-anticorps. *Acta Haematologica*, 20(1-4), 156–66.
<https://doi.org/https://doi.org/10.1159/000205478>
- de Boer, H. J., Ghorbani, A., Manzanilla, V., Raclariu, A.-C., Kreziou, A., Ounjai, S., Osathanunkul, M., y Gravendeel, B. (2017). DNA metabarcoding of orchid-derived products reveals widespread illegal orchid trade. *Royalsocietypublishing.Org*, 284(1863). <https://doi.org/10.1098/rspb.2017.1182>
- DeBruyn, J. M., y Hauther, K. A. (2017). Postmortem succession of gut microbial communities in deceased human subjects. *PeerJ*, 2017(6).
<https://doi.org/10.7717/peerj.3437>
- Demanèche, S., Schausser, L., Dawson, L., Franqueville, L., y Simonet, P. (2017). Microbial soil community analyses for forensic science: Application to a blind test. *Forensic Science International*, 270, 153–158.
<https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2016.12.004>
- Dufresnes, C., Jan, C., Bienert, F., Goudet, J., y Fumagalli, L. (2017). Broad-scale genetic diversity of cannabis for forensic applications. *PLoS ONE*, 12(1).
<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0170522>

- Edelmann, J., Hering, S., Michael, M., Lessig, R., Deichsel, D., Meier-Sundhausen, G., Roewer, L., Plate, I., y Szibor, R. (2001). Announcement of population data 16 X-chromosome STR loci frequency data from a German population. *Forensic Sci. Int.*, *124*(2/3), 215–218. [https://doi.org/10.1016/s0379-0738\(01\)00565-5](https://doi.org/10.1016/s0379-0738(01)00565-5)
- Edwards, A., Hammond, H., Jin, L., Caskey, C., y Chakraborty, R. (1992). Genetic variation at five trimeric and tetrameric tandem repeat loci in four human population groups. *Genomics*, *12*(2), 241–253. [https://doi.org/doi:10.1016/0888-7543\(92\)90371-x](https://doi.org/doi:10.1016/0888-7543(92)90371-x)
- Edwards, Al, Civitello, A., Hammond, H. A., y Caskey, T. (1991). DNA Typing and Genetic Mapping with Trimeric and Tetrameric Tandem Repeats. *Am. J. Hum. Genet.*, *49*, 746–756.
- Fields, A. T., Fischer, G. A., Shea, S. K. H., Zhang, H., Abercrombie, D. L., Feldheim, K. A., Babcock, E. A., y Chapman, D. D. (2018). Species composition of the international shark fin trade assessed through a retail-market survey in Hong Kong. *Conservation Biology*, *32*(2), 376–389. <https://doi.org/10.1111/cobi.13043>
- Frantz, A. C., Zachos, F. E., Bertouille, S., Eloy, M. C., Colyn, M., y Flamand, M. C. (2017). Using genetic tools to estimate the prevalence of non-native red deer (*Cervus elaphus*) in a Western European population. *Ecology and Evolution*, *7*(19), 7650–7660. <https://doi.org/10.1002/ece3.3282>
- Franzosa, E. A., Huang, K., Meadow, J. F., Gevers, D., Lemon, K. P., Bohannan, B. J. M., y Huttenhower, C. (2015). Identifying personal microbiomes using metagenomic codes. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, *112*(22), E2930–E2938. <https://doi.org/10.1073/pnas.1423854112>
- Garofalo, L, Mariacher, A., Fanelli, R., Fico, R., PeerJ, R. L.-, y 2018, U. (2018). Hindering the illegal trade in dog and cat furs through a DNA-based protocol for species identification. *PeerJ*, *6*, e4902. <https://peerj.com/articles/4902/?td=wk>
- Garofalo, Luisa, Mariacher, A., Fanelli, R., Fico, R., y Lorenzini, R. (2018). Hindering the illegal trade in dog and cat furs through a DNA-based protocol for species identification. *PeerJ*, *2018*(6), 1–17. <https://doi.org/10.7717/peerj.4902>
- Goff, M. L., Omori, A. I., y Gunatilake, K. (1988). Estimation of Postmortem Interval by Arthropod Succession Effects of substrate on sine wave morphology in saline liquid medium. *Article in American Journal of Forensic Medicine y Pathology*, *9*(3), 220–225. <https://doi.org/10.1097/00000433-198809000-00009>
- Gomes, G., Correa, R., Veneza, I., da Silva, R., da Silva, D., Miranda, J., y Sampaio, I. (2019). Forensic analysis reveals fraud in fillets from the “Gurijuba” *Sciades parkeri* (Ariidae–Siluriformes): a vulnerable fish in Brazilian Coastal Amazon. *Mitochondrial DNA Part A: DNA Mapping, Sequencing, and Analysis*, *30*(5), 721–729. <https://doi.org/10.1080/24701394.2019.1622694>
- Gómez, A., y Kolokotronis, S. O. (2017). Genetic identification of mammalian meal source in dung beetle gut contents. *Mitochondrial DNA Part A: DNA Mapping, Sequencing, and Analysis*, *28*(4), 612–615. <https://doi.org/10.3109/24701394.2016.1155120>
- Guo, J., Fu, X., Liao, H., Hu, Z., Long, L., Yan, W., Ding, Y., Zha, L., Guo, Y., Yan, J., Chang, Y., y Cai, J. (2016). Potential use of bacterial community succession for estimating post-mortem interval as revealed by high-throughput sequencing. *Scientific Reports*, *6*(1), 1–11. <https://doi.org/10.1038/srep24197>

- Gusmao, L., Sánchez-Diz, P., y Alves, B. Q. (2003). Results of the GEP-ISFG collaborative study on the Y chromosome STRs GATA A10, GATA C4, GATA H4, DYS437, DYS438, DYS439, DYS460 and DYS461. *Forensic Science International*, 135(2), 150–157. [https://doi.org/10.1016/s0379-0738\(03\)00199-3](https://doi.org/10.1016/s0379-0738(03)00199-3).
- Hanssen, E. N., Avershina, E., Rudi, K., Gill, P., y Snipen, L. (2017). Body fluid prediction from microbial patterns for forensic application. *Forensic Science International: Genetics*, 30, 10–17. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2017.05.009>
- Hauther, K. A., Cobaugh, K. L., Jantz, L. M., Sparer, T. E., y Debruyn, J. M. (2015). Estimating Time Since Death from Postmortem Human Gut Microbial Communities. *Journal of Forensic Sciences*, 60(5), 1234–1240. <https://doi.org/10.1111/1556-4029.12828>
- Hernández-González, V., Sans-Rosell, N., Jové-Deltell, M. C., y Reverter-Masia, J. (2016). Comparación entre web of science y scopus, estudio bibliométrico de las revistas de anatomía y morfología. *International Journal of Morphology*, 34(4), 1369–1377. <https://doi.org/10.4067/S0717-95022016000400032>
- Herramienta de consulta del Factor de Impacto y otras métricas del Portal de Acceso a la Web of Knowledge. (2020). <https://www.recursoscientificos.fecyt.es/factor/>
- Hershey, A. D., y Chase, M. (1952). Independent functions of viral protein and nucleic acid in growth of bacteriophage. *The Journal of General Physiology*, 36(1), 39–56. <https://doi.org/https://doi.org/10.1085/jgp.36.1.39>
- Hogg, C. J., Dennison, S., Frankham, G. J., Hinds, M., y Johnson, R. N. (2018). Stopping the spin cycle: genetics and bio-banking as a tool for addressing the laundering of illegally caught wildlife as ‘captive-bred.’ *Conservation Genetics Resources*, 10(2), 237–246. <https://doi.org/10.1007/s12686-017-0784-3>
- Hogg, C. J., Dennison, S., Frankham, G., y Johnson, R. N. (2018). Stopping the spin cycle: genetics and bio-banking as a tool for addressing the laundering of illegally caught wildlife as “captive-bred” Wildlife Forensic Science View project Genetic and ecological monitoring of an introduced island population of Tasmani. *Springer*, 10(2), 237–246. <https://doi.org/10.1007/s12686-017-0784-3>
- Horreo, J. L., Machado-Schiaffino, G., y García-Vázquez, E. (2017). Forensic assignment to geographic origin, a useful tool in seafood fraud control. *Forensic Science International*, 272, 37–40. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2017.01.003>
- Houston, R., Birck, M., Hughes-Stamm, S., y Gangitano, D. (2017). Developmental and internal validation of a novel 13 loci STR multiplex method for Cannabis sativa DNA profiling. *Legal Medicine*, 26, 33–40. <https://doi.org/10.1016/j.legalmed.2017.03.001>
- Houston, R., Mayes, C., King, J. L., Hughes-Stamm, S., y Gangitano, D. (2018). Massively parallel sequencing of 12 autosomal STRs in Cannabis sativa. *ELECTROPHORESIS*, 39(22), 2906–2911. <https://doi.org/10.1002/elps.201800152>
- Hyde, E. R., Haarmann, D. P., Petrosino, J. F., Lynne, A. M., y Bucheli, S. R. (2015). Initial insights into bacterial succession during human decomposition. *International Journal of Legal Medicine*, 129(3), 661–671. <https://doi.org/10.1007/s00414-014-1128-4>
- Jeangkhowa, P., Bandhaya, A., Umpunjun, P., Chuenboonngarm, N., y Panvisavas, N. (2017). Identification of Cannabis sativa L. using the 1-kbTHCA synthase-

- fluorescence in situ hybridization probe. *Science and Justice*, 57(2), 101–106. <https://doi.org/10.1016/j.scijus.2016.11.002>
- Jeffreys, A., Wilson, V., y Thein, S. (1985). Individual-specific “fingerprints” of human DNA. *Nature*, 316, 76–79. <https://doi.org/https://doi.org/10.1038/316076a0>
- Kakizaki, E., Sonoda, A., Sakai, M., y Yukawa, N. (2018). Simple detection of bacterioplankton using a loop-mediated isothermal amplification (LAMP) assay: First practical approach to 72 cases of suspected drowning. *Forensic Science International*, 289, 289–303. <https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2018.05.035>
- Khan, F. M., William, K., Aruge, S., Janjua, S., y Shah, S. A. (2018). Illegal product manufacturing and exportation from Pakistan: Revealing the factuality of highly processed wildlife skin samples via DNA mini-barcoding. *Nucleosides, Nucleotides and Nucleic Acids*, 37(3), 179–185. <https://doi.org/10.1080/15257770.2018.1450507>
- Kimpton, C., Fisher, D., Watson, S., Adams, M., Urquhart, A., Lygo, J., y Gill, P. (1994). Evaluation of an automated DNA profiling system employing multiplex amplification of four tetrameric STR loci. *International Journal of Legal Medicine*, 106(6), 302–311. <https://doi.org/10.1007/BF01224776>
- Kleta, S., Hammerl, J. A., Dieckmann, R., Malorny, B., Borowiak, M., Halbedel, S., y Vygen-Bonnet, S. (2017). Molecular tracing to find source of protracted invasive listeriosis outbreak, southern Germany, 2012–2016. *Emerging Infectious Diseases*, 23(10), 1680. <https://doi.org/10.3201/eid2310.161623>
- Kumar, V., Chandra, K., Kundu, S., Tyagi, K., Amin Laskar, B., Singha, D., Chakraborty, R., y Pakrashi, A. (2019). Utility of mitochondrial DNA in wildlife forensic science: reliable identification of confiscated materials from Eastern India. *Mitochondrial DNA Part B*, 4(1), 583–588. <https://doi.org/10.1080/23802359.2018.1561216>
- Landsteiner K. (1901). Ueber Agglutinationserscheinungen normalen menschlichen Blutes. *Wiener Klinische Wochenschrift*, 14, 1132–1134.
- Leitch, O., Papanicolaou, A., Lennard, C., Kirkbride, K. P., y Anderson, A. (2015). Chemosensory genes identified in the antennal transcriptome of the blowfly *Calliphora stygia*. *BMC Genomics*, 16(1). <https://doi.org/10.1186/s12864-015-1466-8>
- Linacre, A., y Chun-I Lee, J. (2016). Species determination: The role and use of the cytochrome b gene. *Methods in Molecular Biology*, 1420(February), 287–296. https://doi.org/10.1007/978-1-4939-3597-0_20
- López-Illescas, C., de Moya-Anegón, F., y Moed, H. F. (2008). Coverage and citation impact of oncological journals in the Web of Science and Scopus. *Journal of Informetrics*, 2(4), 304–316. <https://doi.org/10.1016/j.joi.2008.08.001>
- Mariacher, A., Garofalo, L., Fanelli, R., Lorenzini, R., PeerJ, R. F.-, y 2019, U. (2019). A combined morphological and molecular approach for hair identification to comply with the European ban on dog and cat fur trade. *PeerJ*, 7, e7955. <https://doi.org/10.7717/peerj.7955>
- Marsh, D. M., y Trenham, P. C. (2008). Current trends in plant and animal population monitoring. *Conservation Biology*, 22(3), 647–655. <https://doi.org/10.1111/j.1523-1739.2008.00927.x>
- Mashaly, A. M., Al-Ajmi, R. A., y AL-Johani, H. A. (2018). Molecular identification of the carrion beetles (Coleoptera) in selected regions of Saudi Arabia. *Journal of Medical Entomology*, 55(6), 1423–1430. <https://doi.org/10.1093/jme/tjy116>

- Menotti-Raymond, M., David, V., y O'Brien, S. (1997). Pet cat hair implicates murder suspect. *Nature*, 386(6627), 774. <https://doi.org/10.1038/386774a0>
- MM, H., y Parsons, T.J. (1999). Mitochondrial DNA Sequence Analysis-Validation and Use for Forensic Casework. *Forensic Science*, 11(1), 21–50.
- Mullis, K., Faloona, F., Scharf, S., Saiki, R., Horn, G., y Erlich, H. (1986). Specific enzymatic amplification of DNA in vitro: the polymerase chain reaction. *Cold Spring Harb Symp Quant Biol.*, 51(1), 263–273. <https://doi.org/doi:10.1101/sqb.1986.051.01.032>
- Payne, R., y Rolfs, M. R. (1958). Fetomaternal leukocyte incompatibility. *The Journal of Clinical Investigation*, 37(12), 1756–1763. [https://doi.org/https://doi.org/10.1016/S0022-3476\(59\)80134-7](https://doi.org/https://doi.org/10.1016/S0022-3476(59)80134-7)
- Pinheiro, J. (2006). Decay process of a cadaver. In *Forensic Anthropology and Medicine: Complementary Sciences From Recovery to Cause of Death* (pp. 85–116). Humana Press. https://doi.org/10.1007/978-1-59745-099-7_5
- Rębała, K., Rabtsava, A. A., Kotova, S. A., Kipen, V. N., Zhurina, N. v., Gandzha, A. I., y Tsybovsky, I. S. (2016). STR Profiling for discrimination between wild and domestic swine specimens and between main breeds of domestic pigs reared in Belarus. *PLoS One*, 11, 11. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0166563>
- Ruitberg, C. M., Reeder, D. J., y Butler, J. M. (2001). STRBase: a short tandem repeat DNA database for the human identity testing community. *Nucleic Acids Research*, 29(1), 320–322.
- Sanchez, J. J., Phillips, C., Børsting, C., Balogh, K., Bogus, M., Fondevila, M., Harrison, C. D., Musgrave-Brown, E., Salas, A., Syndercombe-Court, D., Schneider, P. M., Carracedo, A., y Morling, N. (2006). A multiplex assay with 52 single nucleotide polymorphisms for human identification. *Electrophoresis*, 27(9), 1713–1724. <https://doi.org/10.1002/elps.200500671>
- Savolainen, P., y Lundeberg, J. (1999). Forensic Evidence Based on mtDNA from Dog and Wolf Hairs. *Journal of Forensic Sciences*, 44(1), 14414J. <https://doi.org/10.1520/jfs14414j>
- Schmedes, S. E., Woerner, A. E., Novroski, N. M. M., Wendt, F. R., King, J. L., Stephens, K. M., y Budowle, B. (2018). Targeted sequencing of clade-specific markers from skin microbiomes for forensic human identification. *Forensic Science International: Genetics*, 32, 50–61. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2017.10.004>
- Schmeller, D. S. (2008). European species and habitat monitoring: Where are we now? *Biodiversity and Conservation*, 17(14), 3321–3326. <https://doi.org/10.1007/s10531-008-9514-1>
- Shin, S. E., Lee, H. J., Park, J. H., Ko, K. S., Kim, Y.-H., Kim, K. R., y Park, S. H. (2015). *The First Survey of Forensically Important Entomofauna Collected from Medicolegal Autopsies in South Korea*. <https://doi.org/10.1155/2015/606728>
- Silva-Neto, A. A., Ferreira, P. B., Torres, R. A., Texeira, R. H. F., Duarte, J. M. B., Barbosa, A. C., Vargas, R. C., y Garcia, J. E. (2016). Diagnostic Cytochrome b gene profiles for the identification of paca (*Cuniculus paca*) bushmeat: implications for the monitoring of illegal hunting and wildlife trade. *Brazilian Journal of Biology*, 76(1), 55–58. <https://doi.org/10.1590/1519-6984.10814>
- Singh, B., Crippen, T. L., Zheng, L., Fields, A. T., Yu, Z., Ma, Q., Wood, T. K., Dowd, S. E., Flores, M., Tomberlin, J. K., y Tarone, A. M. (2015). A metagenomic assessment of the bacteria associated with *Lucilia sericata* and *Lucilia cuprina*

- (Diptera: Calliphoridae). *Applied Microbiology and Biotechnology*, 99(2), 869–883. <https://doi.org/10.1007/s00253-014-6115-7>
- Singh, S. K., Jabin, G., Basumatary, T., Bhattarai, G. P., Chandra, K., y Thakur, M. (2019). Resolving the trans-boundary dispute of elephant poaching between India and Nepal. *Forensic Science International: Synergy*, 1, 146–150. <https://doi.org/10.1016/j.fsisyn.2019.07.007>
- Solano, J., Anabalón, L., Figueroa, S., Lizama, C., Reyes, L. C., y Gangitano, D. (2019). Psychedelic fungus (*Psilocybe* sp.) authentication in a case of illegal drug traffic: sporological, molecular analysis and identification of the psychoactive substance. *Science and Justice*, 59(1), 102–108. <https://doi.org/10.1016/j.scijus.2018.08.005>
- Stein, F. M., Wong, J. C. Y., Sheng, V., Law, C. S. W., Schröder, B., y Baker, D. M. (2016). First genetic evidence of illegal trade in endangered European eel (*Anguilla anguilla*) from Europe to Asia. *Conservation Genetics Resources*, 8(4), 533–537. <https://doi.org/10.1007/s12686-016-0576-1>
- Sultana, S., Ali, M. E., Hossain, M. M., Naquiah, N., y Zaidul, I. S. M. (2018). Universal mini COI barcode for the identification of fish species in processed products. *Food Research International*, 105, 19–28. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2017.10.065>
- Summerell, A. E., Frankham, G. J., Gunn, P., y Johnson, R. N. (2019). DNA based method for determining source country of the short beaked echidna (*Tachyglossus aculeatus*) in the illegal wildlife trade. *Forensic Science International*, 295, 46–53. <https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2018.11.019>
- Thanakiatkrai, P., Dechnakarín, J., Ngasaman, R., y Kitpipit, T. (2019). Direct pentaplex PCR assay: An adjunct panel for meat species identification in Asian food products. *Food Chemistry*, 271, 767–772. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2018.07.143>
- van Rood, J. J., Eernisse, J. G., y van Leeuwen, A. (1958). Leucocyte antibodies in sera from pregnant women. *Nature*, 181(4625), 1735–1736. <https://doi.org/https://doi.org/10.1038/1811735a0>
- Vlam, M., de Groot, G. A., Boom, A., Copini, P., Laros, I., Veldhuijzen, K., Zakamdi, D., y Zuidema, P. A. (2018). Developing forensic tools for an African timber: Regional origin is revealed by genetic characteristics, but not by isotopic signature. *Biological Conservation*, 220(2017), 262–271. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2018.01.031>
- Wang, X., Xiong, M., Lei, C., y Zhu, F. (2015). The developmental transcriptome of the synanthropic fly and insights into olfactory proteins. *BMC Genomics*, 16(1), 20. <https://doi.org/10.1186/s12864-014-1200-y>
- Watson, J. D., y Crick, F. H. C. (1953). A Structure for Deoxyribose Nucleic Acid. *Nature*, 171 (4356), 737–738. <https://doi.org/doi.org/10.1038/171737a0>
- Winters, M., Torkelson, A., Booth, R., Mailand, C., Hoareau, Y., Tucker, S., y Wasser, S. K. (2018). Isolation of DNA from small amounts of elephant ivory: Sampling the cementum with total demineralization extraction. *Forensic Science International*, 288, 131–139. <https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2018.04.036>
- Wyman, A. R., y Whitet, R. (1980). A highly polymorphic locus in human DNA (human genetics/recombinant DNA/genetic marker loci). *Genetics*, 77(11), 6754–6758. <https://doi.org/10.1073/pnas.77.11.6754>
- Yamamuro, T., Iwata, Y. T., Segawa, H., Kuwayama, K., Tsujikawa, K., Kanamori, T., y Inoue, H. (2018). Development of rapid and simple method for DNA extraction

- from cannabis resin based on the evaluation of relative PCR amplification ability. *Forensic Science International*, 287, 176–182.
<https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2018.03.044>
- Yamamuro, T., Miyamoto, S., Kitamura, M., Muro, T., Iwata, Y. T., Segawa, H., Kuwayama, K., Tsujikawa, K., Kanamori, T., y Inoue, H. (2018). Development of simple and accurate detection systems for Cannabis sativa using DNA chromatography. *Forensic Science International*, 291, 68–75.
<https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2018.08.006>
- Young, J. M., Weyrich, L. S., Breen, J., Macdonald, L. M., y Cooper, A. (2015). Predicting the origin of soil evidence: High throughput eukaryote sequencing and MIR spectroscopy applied to a crime scene scenario. *Forensic Science International*, 251, 22–31. <https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2015.03.008>
- Yu, M., Jiao, L., Guo, J., Wiedenhoeft, A. C., He, T., Jiang, X., y Yin, Y. (2017). DNA barcoding of vouchered xylarium wood specimens of nine endangered Dalbergia species. *Planta*, 246(6), 1165–1176. <https://doi.org/10.1007/s00425-017-2758-9>
- Yusseff-Vanegas, S. Z., y Agnarsson, I. (2017). DNA-barcoding of forensically important blow flies (Diptera: Calliphoridae) in the Caribbean region. *PeerJ*, 2017(7).
<https://doi.org/10.7717/peerj.3516>
- Zajac, B. K., Amendt, J., Horres, R., Verhoff, M. A., y Zehner, R. (2015). De novo transcriptome analysis and highly sensitive digital gene expression profiling of Calliphora vicina (Diptera: Calliphoridae) pupae using MACE (Massive Analysis of cDNA Ends). *Forensic Science International: Genetics*, 15, 137–146.
<https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2014.11.013>
- Zhang, Z. Y., Wang, H., Chen, W., Pang, X. M., y Li, Y. Y. (2016). Genetic diversity and structure of native and non-native populations of the endangered plant Pinus dabeshanensis. *Genetics and Molecular Research*, 15(2).
<https://doi.org/10.4238/gmr.15027937>