

DETECCIÓN DE ADN EN CONDICIONES EXTREMAS: RETOS Y AVANCES TECNOLÓGICOS EN LA CRIMINALÍSTICA

DNA DETECTION IN EXTREME CONDITIONS: CHALLENGES AND TECHNOLOGICAL ADVANCES IN FORENSICS

Arceo Nuño J.A.¹

Rentería Serratos A.S.¹

Bancalari Organista C.²

Gonzales Sandoval C.E.³

Uvalle Navarro R.L.³

Díaz Burke Y.³

Muñoz Almaguer M.L.³

¹Estudiante. Carrera de Química Física Biología.

²Médico cirujano y Partero.

³Doctora en Ciencias.

Departamento de Farmacobiología.

Centro Universitario de Ciencias Exactas e Ingenierías (CUCEI).

Universidad de Guadalajara.

México

Correspondencia: maria.malmaguer@academicos.udg.mx

Resumen: El análisis de ADN ha revolucionado la identificación forense, sin embargo, su aplicación enfrenta serios desafíos cuando las muestras biológicas han sido sometidas a condiciones extremas como la calcinación, la inmersión en agua o su disolución en ácidos. Esta investigación documental tiene como objetivo analizar las estrategias más recientes para la recuperación, amplificación y análisis de ADN en contextos de alta degradación, evaluando su efectividad y aplicabilidad en la práctica forense. Se revisaron casos reales y literatura científica especializada que abordan metodologías como la PCR de alta sensibilidad, miniSTRs, análisis de ADN mitocondrial y secuenciación de nueva generación (NGS). Los resultados evidencian que, pese a la degradación, es posible obtener perfiles genéticos útiles mediante técnicas avanzadas, especialmente a partir de tejido óseo. Se concluye que el desarrollo biotecnológico actual permite superar muchas limitaciones técnicas, y que el trabajo forense en ambientes extremos requiere un enfoque multidisciplinario y ético. El estudio resulta novedoso al compilar las últimas herramientas tecnológicas aplicadas en escenarios extremos y resalta su relevancia en la mejora de la justicia y la identificación de víctimas.

Palabras clave: ADN, identificación forense, ADN mitocondrial, secuenciación de nueva generación, muestras degradadas.

Abstract: DNA analysis has revolutionized forensic identification; however, its application faces significant challenges when biological samples have been exposed to extreme conditions such as burning, water immersion, or chemical dissolution in acids. This documentary research aims to analyze the most recent strategies for DNA recovery, amplification, and analysis under severe degradation contexts, evaluating their effectiveness and applicability in forensic practice. Real case reports and specialized scientific literature were reviewed, addressing methodologies such as high-sensitivity PCR, miniSTRs, mitochondrial DNA analysis, and Next-Generation Sequencing (NGS). The findings show that, despite degradation, it is possible to obtain usable genetic profiles through advanced techniques, particularly from bone tissue. It is concluded that current biotechnological advances can overcome many technical limitations, and that forensic work in extreme environments requires a multidisciplinary and ethical approach. This study is novel in compiling the latest technological tools applied in extreme scenarios and highlights their relevance in improving justice and the identification of victims.

Keywords: DNA, forensic identification, mitochondrial DNA, next-generation sequencing, degraded samples..

INTRODUCCION

El ácido desoxirribonucleico (ADN) es una molécula fundamental para la vida, ya que contiene la información genética necesaria para el desarrollo, funcionamiento y reproducción de los organismos vivos. Su estructura está compuesta por dos cadenas de nucleótidos que forman una doble hélice, donde se almacenan las instrucciones genéticas en secuencias específicas de bases nitrogenadas (A, T, G y C) (1). El ADN es único para cada individuo, lo que lo convierte en una herramienta crucial para la identificación en diversas aplicaciones, incluidas las investigaciones forenses.

Desde su introducción en los años 80, el ADN ha revolucionado la criminalística, permitiendo la identificación precisa de sospechosos, la exoneración de inocentes y la resolución de casos sin resolver (2). Un caso pionero fue el de Colin Pitchfork en 1987, el primero en el mundo en el que se utilizó ADN para condenar a un asesino. Este evento marcó un punto de inflexión en la ciencia forense, abriendo paso al uso generalizado de la “huella genética” como prueba sólida en los tribunales (3)(4). Además, la creación de bases de datos de perfiles genéticos en numerosos países ha facilitado el análisis de ADN en casos criminales, ampliando el alcance de esta herramienta en el ámbito legal (5).

A pesar de los avances en la tecnología de ADN, su aplicación efectiva depende de la calidad de la muestra biológica. Las técnicas actuales, como la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y la secuenciación de nueva generación (NGS), permiten obtener perfiles genéticos de alta precisión a partir de pequeñas cantidades de ADN (6). Sin embargo, estas técnicas pueden verse afectadas cuando el ADN ha sido expuesto a condiciones que comprometen su integridad, como la manipulación con ácidos fuertes, la calcinación o el ahogamiento. En el caso de los ácidos fuertes, como el ácido clorhídrico, los enlaces fosfodiéster del ADN pueden romperse, lo que provoca su desnaturalización y posterior degradación (7). La calcinación expone las muestras a temperaturas extremadamente altas, lo que destruye gran parte de la estructura del ADN, aunque el ADN mitocondrial (ADNmt), regiones altamente repetitivas (HV1, HV2 y HV3), estas pueden resistir si se aplican técnicas de recuperación avanzadas, como lo son extracción con sílice, amplificación por PCR de mini-STRs y el uso de qPCR para cuantificación previa (8). En los casos de ahogamiento, el ADN se ve afectado por la exposición prolongada al agua, lo que facilita la actividad de enzimas degradativas y complica su posterior detección (9).

A pesar de estos desafíos, los avances en biología molecular, como la secuenciación de nueva generación (NGS), han permitido recuperar ADN degradado en condiciones extremas. NGS ofrece una mayor precisión y profundidad en el análisis de ADN, lo que ha sido fundamental en casos complejos, como la identificación de restos humanos en situaciones de desastres naturales o conflictos armados (10). Además, el uso de ADN mitocondrial ha demostrado ser útil en muestras muy degradadas, ya que resiste mejor las condiciones extremas que el ADN nuclear (6).

El uso de tecnologías avanzadas, como el análisis epigenético, también está ganando relevancia en la criminalística. Este tipo de análisis no solo permite identificar a los individuos, sino que también puede ofrecer información sobre su edad o las condiciones ambientales a las que han estado expuestos, lo que añade un nivel de detalle adicional en las investigaciones forenses (11).

Finalmente, aunque el análisis de ADN es ampliamente utilizado en todo el mundo, su aplicación varía según los recursos disponibles en cada país. En naciones desarrolladas, como Estados Unidos y Reino Unido, los laboratorios forenses están equipados con la última tecnología y tienen acceso a grandes bases de datos de ADN, como el sistema CODIS en EE. UU (2). Sin embargo, en países en desarrollo, los recursos limitados y la falta de infraestructura dificultan la implementación de estas técnicas de manera efectiva (5). Estos factores resaltan la importancia de seguir invirtiendo en tecnología forense y en la capacitación de personal para garantizar que los avances científicos puedan ser utilizados globalmente.

El ADN, o ácido desoxirribonucleico, es el material que contiene la información hereditaria en los humanos y casi todos los demás organismos. Casi todas las células del cuerpo de una persona tienen el mismo ADN. La mayor parte del ADN se encuentra en el núcleo celular (o ADN nuclear), pero también se puede encontrar una pequeña cantidad de ADN en las mitocondrias (ADN mitocondrial o ADNmt). Las mitocondrias son estructuras dentro de las células que convierten la energía de los alimentos para que las células la puedan utilizar.

La información en el ADN se almacena como un código compuesto por cuatro bases químicas, adenina (A), guanina (G), citosina (C) y timina (T) (12).

El ADN humano consta de unos 3 mil millones de bases, y más del 99 por ciento de esas bases son iguales en todas las personas. El orden o secuencia de estas bases determina la información disponible para construir y mantener un organismo, similar a la forma en que las letras del alfabeto aparecen en un cierto orden para formar palabras y oraciones.

Las bases de ADN se emparejan entre sí, adenina (A) con timina (T) y citosina (C) con guanina (G); para formar unidades llamadas pares de bases. Cada base también está unida a una molécula de azúcar y una molécula de fosfato. Juntos (una base, un azúcar y un fosfato) se llaman nucleótidos(13).

A. Retos en la Investigación Forense

1. Calcinación en la Investigación Forense

La calcinación, que implica la exposición de restos humanos a temperaturas extremadamente altas, representa un reto para la identificación forense. Las altas temperaturas destruyen los tejidos blandos y afectan gravemente la estructura ósea y el ADN, complicando la obtención de perfiles genéticos. Sin embargo, la estructura mineral del hueso puede preservar fragmentos de ADN que pueden ser utilizados para identificación.

1.1. Efectos del calor en el ADN

El ADN es altamente susceptible a la degradación térmica. Temperaturas superiores a 200°C pueden provocar la desnaturalización de las cadenas de ADN, mientras que a partir de los 500°C la mayoría del material genético se destruye por completo. Sin embargo, los estudios han demostrado que el ADN mitocondrial (mtADN) es más resistente y puede recuperarse incluso en restos calcinados (8).

1.2. Técnicas de Análisis en Restos Calcinados

Antropología Forense: Se utiliza para examinar la morfología ósea y determinar características como sexo, edad y estatura. El análisis de patrones de fracturas térmicas puede indicar la temperatura y duración de la exposición al fuego (14).

- Extracción de ADN: Métodos avanzados como el uso de tampones de lisis específicos, extracción de ADN mitocondrial y amplificación por PCR han demostrado ser eficaces para obtener información genética de huesos calcinados.

- Tomografía Computarizada y Espectrometría de Masas: Permiten la visualización interna de los huesos y la detección de trazas químicas que pueden indicar la exposición a fuego y otros agentes externos (9).

- A nivel internacional, laboratorios en países como EE.UU. y el Reino Unido cuentan con equipos de alta tecnología para el análisis de restos calcinados, mientras que en Jalisco se implementan métodos más tradicionales, basados en la colaboración entre expertos forenses y antropólogos locales.

2. Ahogamiento en la Investigación Forense

El ahogamiento es una causa de muerte frecuente en cuerpos de agua, y su investigación forense requiere una evaluación detallada de los órganos y fluidos del cuerpo. La presencia de agua en los pulmones, los signos de asfixia y la composición química del agua son claves para determinar las circunstancias de la muerte.

2.1. Factores Clave en la Determinación del Ahogamiento

- Presencia de Diatomeas: Estas microalgas presentes en el agua pueden ser halladas en el sistema circulatorio de la víctima, indicando si la persona estaba viva en el momento de la inmersión.

- Hallazgos Pulmonares: La autopsia revela si existe edema pulmonar y distensión alveolar, signos característicos de la sumersión (15).

- Fluidos en las Cavidades Corporales: La detección de agua en senos paranasales y el estómago es indicativa de una inhalación activa, sugiriendo muerte por ahogamiento.

2.2. Técnicas de Identificación Forense

En Jalisco, la falta de acceso a análisis especializado como la espectrometría de masas dificulta la comparación detallada de la composición del agua encontrada en el cuerpo con la del lugar del hallazgo. En contraste, a nivel internacional, se emplean herramientas como la cromatografía de gases para detectar compuestos específicos del agua que pueden aportar pruebas sólidas sobre el entorno de ahogamiento.

3. Sumergimiento en Ácido en la Investigación Forense

El sumergimiento en ácido es una táctica empleada en crímenes violentos para eliminar evidencia física. La naturaleza corrosiva de los ácidos puede disolver los tejidos blandos rápidamente, dejando restos óseos en estados avanzados de deterioro. Sin embargo, el análisis forense ha desarrollado métodos para identificar restos incluso después de una exposición prolongada a sustancias químicas agresivas.

3.1. Efectos del Ácido en el ADN y Tejidos

El ADN es altamente susceptible a la desnaturalización química provocada por ácidos fuertes como el sulfúrico y el clorhídrico. Estos agentes destruyen los enlaces fosfodiéster del ADN, dificultando la amplificación de las secuencias mediante técnicas convencionales como la PCR(7).

3.2. Métodos forenses aplicados

Análisis Químico: Se utilizan técnicas como la espectroscopía de absorción atómica para determinar la composición del ácido utilizado y su posible origen.

Imágenes Forenses: La tomografía computarizada permite visualizar los restos internos para evaluar el grado de disolución ósea.

Estudios de Residuos: La identificación de compuestos químicos en el entorno del crimen puede proporcionar pistas sobre la procedencia del ácido y la posible implicación del sospechoso (11).

En Jalisco, los laboratorios forenses enfrentan limitaciones en el acceso a tecnologías avanzadas, lo que contrasta con laboratorios de países como Alemania o Japón, donde el análisis forense de restos expuestos a ácidos se realiza mediante espectrometría de rayos X y microscopía electrónica de barrido.

B. Nuevos Métodos para la Detección de ADN en Condiciones Adversas

La identificación y análisis del ADN en muestras sometidas a procesos de degradación severa constituye uno de los desafíos más complejos en la investigación forense actual. En contextos en los que los métodos convencionales resultan insuficientes —debido a la destrucción parcial o total de la integridad molecular, ya sea por exposición a agentes químicos (como el ácido), a altas temperaturas o a procesos de descomposición asociados al ahogamiento—, la aplicación de técnicas innovadoras se vuelve indispensable para obtener información genética de valor probatorio.

1. Desafíos en la recuperación de ADN degradado

Los factores ambientales y forenses que inciden en la degradación del ADN incluyen, entre otros, la fragmentación por calor intenso, la hidrólisis y la oxidación en entornos ácidos, y la dilución o contaminación en casos de inmersión prolongada en agua. Estas condiciones provocan que las cadenas de ADN se rompan en fragmentos muy cortos, lo que dificulta la amplificación mediante las técnicas convencionales basadas en la reacción en cadena de la polimerasa (PCR). Ante esta problemática, se han desarrollado estrategias específicas que permiten trabajar con fragmentos de menor tamaño y con niveles de contaminación o degradación elevados.

2. Estrategias innovadoras para la extracción y amplificación de ADN

2.1. Short Tandem Repeats (STR)

En el campo de la genética forense, el análisis del ADN se ha convertido en una herramienta fundamental para la identificación de personas y la resolución de delitos. Aunque la secuencia del ADN humano es altamente conservada

entre individuos —compartimos más del 99.9 % del genoma con otros seres humanos—, existen regiones específicas que presentan variaciones individuales significativas. Estas diferencias, aunque pequeñas, son suficientes para establecer un perfil genético único para cada persona (excepto en el caso de gemelos monocigóticos) (2).

Uno de los métodos más efectivos para distinguir a los individuos es el estudio de los Short Tandem Repeats (STR), o repeticiones cortas en tándem. Los STR son secuencias breves de ADN, normalmente de 2 a 6 pares de bases, que se repiten en tándem (una detrás de otra) en regiones no codificantes del genoma. La cantidad de repeticiones en un locus específico puede variar ampliamente entre personas, lo que convierte a los STR en marcadores genéticos altamente polimórficos y, por tanto, muy útiles en identificación forense (16).

Durante una investigación criminal, se puede obtener ADN de restos biológicos como sangre, saliva, semen o cabello. Posteriormente, mediante la técnica de reacción en cadena de la polimerasa (PCR), se amplifican los loci STR seleccionados. El perfil genético resultante se compara con el de individuos sospechosos, víctimas o familiares. Cuantos más loci STR se analicen, mayor será la probabilidad de que un perfil sea único. En muchos sistemas forenses se utilizan entre 13 y 20 loci STR estandarizados, lo que permite una discriminación extremadamente precisa entre individuos. Un locus STR es una posición específica en el ADN donde se encuentra una secuencia corta repetida en tándem, y el número de repeticiones varía entre individuos (20).

El análisis de STR no solo se aplica en la resolución de delitos, sino también en casos de identificación de restos humanos en desastres masivos, en pruebas de paternidad y en estudios de genética poblacional. Su alta sensibilidad y especificidad han posicionado al análisis de ADN como una de las herramientas más confiables en la ciencia forense contemporánea (2).

2.1.1. Proceso técnico del análisis de STR

1. Recolección de la muestra: se obtiene una muestra biológica de la escena del crimen o del individuo investigado. Las fuentes comunes incluyen sangre, saliva, semen, cabello con raíz y raspados bucales. Estas muestras contienen células nucleadas que proporcionan el ADN necesario para el análisis (2).

2. Extracción y purificación del ADN: Se aíslan las moléculas de ADN mediante métodos químicos o mecánicos. El objetivo es obtener material genético libre de contaminantes celulares.

3. Cuantificación del ADN: Antes de proceder al análisis, se mide la cantidad y calidad del ADN extraído para asegurar que sea apto para amplificación.

4. Amplificación por PCR: Mediante la reacción en cadena de la polimerasa (PCR), se amplifican regiones específicas que contienen loci STR. Se utilizan cebadores específicos para cada locus, y se marcan con fluorocromos para su detección posterior.

5. Separación por electroforesis capilar: Las copias amplificadas se introducen en un sistema de electroforesis capilar. El ADN se separa según el tamaño de los fragmentos, y un detector láser lee las señales fluorescentes. El resultado es un electroferograma, donde los picos indican la cantidad de repeticiones STR.

6. Análisis e interpretación: Se construye un perfil genético comparando los alelos detectados en cada locus. Este perfil puede ser:

- Comparado con muestras de referencia (1 a 1)
- Comparado con bases de datos forenses (1 a N)
- Utilizado para identificar restos o establecer relaciones biológicas

2.1.2. ¿Cuántos loci STR se usan?

En genética forense, se analiza un conjunto específico de loci STR. Por ejemplo:

- El sistema CODIS (utilizado por el FBI y adoptado también en México con algunas adaptaciones) utiliza 13 a 20 loci STR estandarizados. Cuantos más loci se analicen, mayor es la capacidad de distinguir entre personas.

- Algunos de los más comunes son: D3S1358, vWA, FGA, D8S1179, D21S11, D18S51, etc.

Cuantos más loci STR se analicen en un perfil, mayor será la capacidad de individualizar a una persona, incluso en contextos forenses complejos o con muestras mixtas (16).

2.2 Microhaplotipos

Los microhaplotipos (microhaps) son pequeñas regiones del ADN (generalmente <300 pb) que contienen dos o más variantes genéticas muy cercanas entre sí, como SNPs (polimorfismos de un solo nucleótido). Debido a la proximidad de estas variantes, se heredan juntas como una unidad, lo que permite la identificación del haplotipo completo a partir de una sola secuenciación (18).

A diferencia de los STR, los microhaplotipos no dependen del número de repeticiones, sino de combinaciones de bases en posiciones específicas. Esta característica, junto con su corta longitud, los hace ideales para el análisis de muestras degradadas, en las que otros marcadores no se amplifican de forma eficiente (19).

2.3. Secuenciación de Nueva Generación (NGS)

La Secuenciación de Nueva Generación (Next-Generation Sequencing, NGS) ha revolucionado el análisis genético al permitir la lectura masiva y paralela de fragmentos de ADN. Esta tecnología ha reemplazado progresivamente a métodos tradicionales como la secuenciación de Sanger, gracias a su rapidez, eficiencia, y capacidad para analizar grandes volúmenes de datos genéticos de forma simultánea (11).

NGS ha sido aplicada con éxito en diversas disciplinas como la medicina personalizada, la genómica de poblaciones, el diagnóstico molecular y, más recientemente, en la genética forense. Esta técnica permite trabajar incluso con muestras de ADN degradado o fragmentado, una limitante común en el ámbito forense (2).

2.3.1. ¿Cómo funciona la NGS?

El proceso de NGS implica varias etapas que, en conjunto, permiten la secuenciación masiva de ADN:

1. **Preparación de la biblioteca genética:** El ADN es fragmentado y se le añaden adaptadores específicos para ser leído por la plataforma de secuenciación.
2. **Amplificación clonal:** Se generan múltiples copias de cada fragmento por PCR en superficies sólidas o emulsiones.
3. **Secuenciación:** Dependiendo de la plataforma utilizada (Illumina, Thermo Fisher, Oxford Nanopore), el ADN se lee mediante síntesis, ligación o cambio de conductividad.
4. **Análisis bioinformático:** Se procesan millones de lecturas mediante software especializado, generando un mapa completo o parcial del material genético analizado (11)(21).

2.3.2. Aplicaciones en genética forense

En el contexto forense, la NGS permite la secuenciación de:

- **ADN autosómico (STR y SNPs)**
- **ADN mitocondrial**
- **Cromosomas sexuales (Y y X)**
- **Microhaplotipos**

Entre sus principales aplicaciones destacan:

- **Análisis de muestras degradadas o escasas,** gracias a su capacidad de secuenciar fragmentos cortos.

- **Resolución de mezclas complejas**, lo que mejora la identificación en casos con múltiples contribuyentes.
- **Estudios de ascendencia y fenotipado forense**, al inferir características físicas o geográficas a partir de marcadores genéticos (2)(20).

2.3.3. Ventajas sobre los métodos tradicionales

Característica	Método tradicional (Sanger/STRs)	NGS
Número de regiones analizadas	Bajo	Alto (miles a millones)
Requiere ADN de alta calidad	Sí	No (funciona con ADN degradado)
Resolución de mezclas complejas	Limitada	Alta
Tiempo y costo por dato generado	Mayor	Menor por base leída
Tipos de marcadores analizados	STRs	STRs, SNPs, microhaplotipos, etc.

Gracias a estas ventajas, NGS se ha consolidado como una herramienta poderosa en casos donde los métodos convencionales fallan o donde se requiere un análisis más profundo y detallado(20)(21).

2.3. Análisis del ADN mitocondrial

El ADN mitocondrial (ADNmt) ofrece ventajas en escenarios de degradación extrema debido a su mayor número de copias por célula en comparación con el ADN nuclear.

- **Uso forense del ADNmt:** Al ser más resistente a la degradación, el ADNmt puede ser recuperado en muestras donde el ADN nuclear se ha deteriorado significativamente. Esto resulta especialmente útil en la identificación de restos humanos en condiciones extremas, aunque se debe tener en cuenta la menor capacidad discriminatoria de este marcador en comparación con el ADN nuclear.
- **Estrategias complementarias:** La combinación del análisis de ADNmt con técnicas basadas en STR y SNPs aumenta la robustez de la identificación en casos complejos.

2.4. Técnicas emergentes en extracción y amplificación

La innovación en la fase de extracción del ADN es fundamental para optimizar la recuperación en muestras deterioradas. Entre las metodologías más recientes destacan:

- **Extracción basada en nanopartículas:** El uso de nanopartículas funcionalizadas permite la captación selectiva del ADN, incluso en matrices complejas y contaminadas, mejorando la pureza y la concentración del ADN extraído.
- **Amplificación digital (Digital PCR):** Esta técnica permite cuantificar y detectar con alta sensibilidad fragmentos de ADN de muy baja cantidad, facilitando la identificación en situaciones donde la degradación ha reducido significativamente la disponibilidad de material genético.

3. Aplicaciones prácticas y estudios de caso

Diversos estudios recientes han demostrado la eficacia de estas nuevas metodologías en escenarios forenses reales:

- **Cuerpos quemados:** La aplicación de miniSTR y NGS ha permitido reconstruir perfiles genéticos a partir de restos carbonizados, donde el ADN nuclear convencional no era recuperable.
- **Sumersión en ácido:** En investigaciones simuladas, las técnicas basadas en nanopartículas para la extracción y la amplificación digital han logrado detectar trazas de ADN en condiciones donde los métodos tradicionales se ven obstaculizados por la corrosión y la fragmentación extrema.
- **Escenarios de ahogamiento:** La integración de análisis de ADNmt con NGS ha facilitado la identificación en casos en los que la exposición prolongada al agua ha diluido y degradado el ADN, permitiendo establecer conexiones importantes en investigaciones criminales.

4. Retos y perspectivas futuras

A pesar de los avances, la implementación de estos métodos en la rutina forense aún enfrenta desafíos significativos, tales como:

- **Estandarización y validación:** Es necesario establecer protocolos uniformes y realizar estudios de validación rigurosos para que estas técnicas puedan ser aceptadas en el ámbito judicial.
- **Capacitación técnica:** La adopción de tecnologías avanzadas requiere la capacitación continua del personal forense y la actualización de los equipos de laboratorio.
- **Integración de datos:** La combinación de resultados obtenidos a partir de diferentes metodologías demanda el desarrollo de software y algoritmos capaces de integrar y analizar la información de manera coherente, fortaleciendo la cadena de evidencias.

Las perspectivas futuras apuntan hacia un enfoque multidisciplinario, donde la convergencia de biotecnología, informática y química forense permita superar las limitaciones actuales y ampliar la capacidad de identificación en escenarios de extrema degradación del ADN.

C. Conservación y Valor Científico del ADN en Ambientes Extremos

2.1 Casos reales de identificación en condiciones extremas

En entornos de alta degradación (cuerpos calcinados, sumergidos o disueltos), el ADN forense ha permitido identificaciones sorprendentes. Por ejemplo, reportaron la identificación de un hombre de 52 años hallado calcinado dentro del maletero de un coche: extrajeron ADN de polvo óseo (fémur pulverizado) usando protocolo orgánico y amplificaron con kits STR multiplex (Identifiler Plus, NGM, Yfiler), obteniendo perfiles completos que coincidieron con un familiar. De modo similar, en otro caso (15 años, víctima de homicidio) se recuperaron huesos quemados (vértebra, costilla, cabeza de húmero) sumergidos en un pozo por aproximadamente nueve meses; de ellos se extrajo ADN nuclear, se amplificó por STR y se confirmó la identidad cotejando con los padres de la víctima (22).

En casos de ahogamiento o sumersión prolongada, el ADN en tejido óseo o dental puede sobrevivir años. Por ejemplo, en Idaho (EE.UU.) se recuperaron cráneo, sacro y vértebras expuestos en un embalse hasta 15–20 años; las pruebas de ADN del FBI confirmaron que cráneo y huesos pertenecían a la misma persona. Actualmente se usa secuenciación masiva avanzada para intentar identificar el cuerpo o parentescos: en 2021 la fiscalía local contrató al laboratorio Othram para aplicar análisis de ADN de nueva generación (MPS), buscando coincidencias con familiares. De manera análoga, estudios en migrantes encontrados en el Mediterráneo emplean análisis de ADN de huesos expuestos a agua salada (múltiples estrategias de extracción y kits STR o MPS) para generar perfiles genéticos identificatorios.

La inmersión en ácidos fuertes es otro reto. Experimentaciones forenses demuestran que el ADN en tejidos blandos se degrada en horas, pero el nuclear de hueso cortical puede sobrevivir días. Comprobaron en modelo porcino que en ácido sulfúrico el ADN de huesos intactos es recuperable hasta aproximadamente 28 días (7 días en nítrico, 2

días en clorhídrico). En la práctica, se han documentado casos exitosos: por ejemplo, en México expertos forenses relatan que en Tijuana cuerpos vertidos en sosa cáustica permitieron recuperar fragmentos de fémur que, tras limpieza, brindaron ADN suficiente para perfil genético completo. En general, aunque la extracción puede requerir meses de trabajo especializado, actualmente es posible obtener perfil genético de restos duros tras disolución ácida. Un caso reciente en México ilustró esto: tres estudiantes fueron presuntamente disueltos en ácido sulfúrico, pero las autoridades tardaron meses en presentar evidencias genéticas, pues el ADN tardó en recuperarse. En resumen, aun en condiciones extremas y con técnicas como PCR-multiplex (STR convencionales o miniSTR), mtADN e incluso NGS, es factible la identificación forense cuando se emplean muestras duras (hueso cortical, dientes) y métodos avanzados (23).

2.2 Aspectos éticos y legales

El uso del ADN en restos degradados exige rigurosos estándares éticos y legales. En primer lugar, el **manejo y custodia de muestras** debe respetar la cadena de custodia forense: cualquier desviación puede invalidar la identificación o inducir al error (por ejemplo, entregar restos equivocados a familiares). Como señala el Comité Internacional de la Cruz Roja (CICR), “un principio fundamental [...] es que debe existir un procedimiento para asegurar una cadena de custodia segura y sólida para toda evidencia”. Esto implica etiquetado sistemático y documentación desde la recuperación hasta el análisis. Además, los restos calcinados o sumergidos exigen protocolos especializados para evitar contaminación o pérdida de evidencia genética (24).

Otro punto clave es el **consentimiento informado** en programas de identificación de personas desaparecidas. Los familiares que donan muestras de referencia (sangre, saliva) para comparar perfiles deben comprender el proceso: por qué se recolectan las muestras, cómo se usará la información, que la participación es voluntaria y pueden retirarse en cualquier momento. Las directrices del CICR insisten en explicar en lenguaje claro estos aspectos y garantizar la confidencialidad de los datos genéticos. De hecho, la Declaración Internacional sobre Datos Genéticos califica los datos genéticos como sensibles, sugiriendo regulaciones que equilibren identificación con derechos individuales (24).

El **uso de bases de datos genéticas** con fines forenses también plantea dilemas. El almacenamiento de perfiles ADN (ya sea en bases nacionales tipo CODIS o en bases internacionales) puede acelerar las identificaciones, pero requiere un marco legal claro. Por ejemplo, muchas jurisdicciones limitan el acceso a bases criminales a perfiles de condenados o sospechosos, prohibiendo búsquedas familiares amplias sin autorización judicial. El empleo de genealogía genética (kits de ADN directo al consumidor) es controvertido por privacidad: su uso debe equilibrar el interés público con la confidencialidad genética de poblaciones enteras.

Finalmente, hay **implicaciones legales** cuando el análisis genético no es concluyente o falla. Un informe negativo (no identificación) puede dejar casos abiertos o generar falsas esperanzas; el sistema judicial debe determinar entonces si procede la declaratoria de fallecimiento sin identificación genética. Igualmente, es crucial prever protocolos para posibles errores (contaminación, falsos positivos/negativos). Los tribunales han rechazado evidencias genéticas mal obtenidas (por ejemplo, en EE. UU. en 1989 por falta de controles adecuados), lo que subraya la importancia de laboratorios acreditados y métodos validados. En suma, la identificación forense extrema exige transparencia, respeto a derechos de la víctima y sus familiares, y cumplimiento estricto de normas nacionales e internacionales en genética forense.

2.3 Evolución histórica del análisis de ADN forense

El análisis forense de ADN ha evolucionado rápidamente desde su origen. En 1985-86 Alec Jeffreys descubrió la “huella genética” mediante métodos RFLP (minisatélites) y pronto la policía la adoptó: en 1986 Jeffrey colaboró en un caso de doble asesinato en el Reino Unido, logrando liberar a un sospechoso inocente. En 1987 se registraron las

primeras condenas basadas en ADN (caso Melias en Reino Unido, otro en EE. UU.). En esos años iniciales se usaba RFLP, que requería grandes cantidades de ADN intacto (3).

La técnica de PCR (26) revolucionó la forensia al permitir amplificar minúsculas muestras. A comienzos de los años 90 se introdujeron los STR (Short Tandem Repeats): secuencias cortas repetidas que se amplifican por PCR. En la década de 1990 los laboratorios forenses implantaron paneles multiplex con múltiples loci STR (por ejemplo, el sistema CODIS de 13 loci en EE.UU.), mejorando la discriminación genética. Paralelamente surgió el ADN mitocondrial(mtADN) como herramienta para muestras muy degradadas: en los años 90 se secuenciaban regiones hipervariables de mtADN para identificar restos antiguos o fragmentados.

Hacia el año 2000 se comenzaron a diseñar miniSTR, kits con amplicones aún más cortos, útiles en huesos quemados o ADN altamente fragmentado. En los últimos 10-15 años, la llegada de la secuenciación masiva (NGS/MPS) ha ampliado aún más las posibilidades. Plataformas como Illumina MiSeq y Ion Torrent permiten analizar simultáneamente cientos de marcadores (STR autosómicos, SNPs, mtADN, microhaplotipos) con alta sensibilidad. Estas tecnologías emergentes facilitan obtener perfiles completos donde PCR clásico falla, y abren camino a nuevos marcadores (SNP ancestrales, epigenéticos, determinación fenotípica) que están transformando la genética forense. Así, desde las primeras huellas genéticas de Jeffreys hasta los modernos análisis por NGS, las herramientas de ADN forense han logrado que incluso restos en condiciones extremas puedan a menudo ser identificados con certeza mediante estudios genéticos.

D. Metodología

3.1 Tipo de investigación

Este estudio es de tipo documental y descriptivo, con enfoque cualitativo. Se basa en la revisión y análisis de literatura científica, protocolos forenses y casos documentados sobre la aplicación del análisis de ADN en la identificación de restos humanos expuestos a condiciones extremas, como calcinación, sumersión prolongada o exposición a agentes químicos.

3.2 Fuentes de información

Se utilizarán fuentes primarias y secundarias, incluyendo:

- Artículos científicos publicados en revistas especializadas en genética forense.
- Protocolos y manuales de organismos internacionales, como el Comité Internacional de la Cruz Roja (CICR) y la Interpol.
- Informes de casos forenses relevantes en contextos de desastres naturales, conflictos armados y violencia organizada.
- Tesis y trabajos académicos relacionados con la temática (Interpol).

3.3 Procedimiento de análisis

1. **Selección de casos y literatura relevante:** Se identificarán y seleccionarán estudios y casos que aborden la identificación de restos humanos mediante análisis de ADN en condiciones extremas.
2. **Revisión y síntesis de información:** Se analizarán las metodologías empleadas en los casos seleccionados, enfocándose en:
 - Técnicas de extracción y purificación de ADN.
 - Métodos de amplificación y análisis genético (STRs, miniSTRs, mtADN, SNPs).
 - Desafíos y soluciones en contextos de degradación severa.

3. **Comparación de protocolos:** Se compararán los protocolos utilizados en diferentes contextos para identificar las mejores prácticas y adaptaciones necesarias según el tipo de degradación del material biológico.

4. **Análisis ético y legal:** Se examinarán las consideraciones éticas y legales asociadas al uso de análisis de ADN en la identificación de restos humanos, especialmente en contextos de desapariciones forzadas y violencia organizada. (CICR)

3.4 Criterios de inclusión y exclusión

- **Inclusión:**

- Estudios y casos documentados que involucren la identificación de restos humanos mediante análisis de ADN en condiciones extremas.
- Literatura publicada en los últimos 20 años para asegurar la relevancia y actualidad de la información.

- **Exclusión:**

- Estudios que no proporcionen detalles metodológicos suficientes.
- Casos que no estén relacionados con condiciones extremas de degradación del ADN.

3.5 Limitaciones del estudio

Al ser una investigación documental, las conclusiones estarán limitadas a la información disponible en las fuentes consultadas. Además, la variabilidad en los protocolos y tecnologías utilizadas en diferentes contextos puede afectar la comparabilidad de los casos analizados.

E. AFECTACIONES PRESENTADAS EN EL ADN EN LAS DIFERENTES CONDICIONES DE AGENTES FISICOS Y QUIMICOS REPORTADOS

En este apartado se presentarán los resultados obtenidos a través de los experimentos y análisis realizados para evaluar la estabilidad del ADN bajo condiciones extremas. Los resultados se organizan en secciones según las pruebas realizadas, con énfasis en los aspectos más relevantes del estudio: la preservación del ADN, la calidad del material genético extraído, y la eficacia de las técnicas de amplificación bajo diferentes condiciones extremas.

4.1 Calidad del ADN extraído en condiciones extremas

Aquí se presentarán los datos relativos a la calidad del ADN recuperado de muestras sometidas a diferentes condiciones extremas, como altas temperaturas, radiación UV y exposición a medios extremos. Se compararán las concentraciones de ADN extraído y su pureza, utilizando técnicas como la espectrofotometría y fluorometría.

Resultados clave:

- **Concentración de ADN:** Se detallará la cantidad de ADN obtenida en las muestras expuestas a condiciones extremas, comparándola con las muestras de control (sin exposición).
- **Pureza del ADN:** Se reportarán los valores de la relación A260/A280, que indica la pureza del ADN respecto a contaminantes como proteínas o fenoles.

4.2 Fragmentación del ADN en condiciones extremas

En esta sección, se abordará el análisis de la fragmentación del ADN, una medida de la degradación del material genético debido a las condiciones extremas. Se emplearán técnicas de análisis como la electroforesis en gel para observar el patrón de fragmentación y comparar los resultados con las muestras de control.

Resultados clave:

- **Fragmentación observable:** Se presentarán los resultados obtenidos en la electroforesis, mostrando la longitud de los fragmentos de ADN en diferentes condiciones extremas en comparación con las muestras no expuestas.
- **Comparación de fragmentación entre condiciones extremas:** Se presentará un análisis sobre cómo la temperatura, la radiación UV o la salinidad afectaron la integridad del ADN.

4.3 Eficiencia de la amplificación del ADN

Los resultados de la amplificación del ADN extraído se analizarán utilizando la técnica de PCR. Se compararán las tasas de amplificación de secuencias específicas de ADN extraídas de muestras sometidas a condiciones extremas frente a las muestras de control, evaluando la eficacia de los primers y la capacidad de amplificación del ADN en condiciones deterioradas.

Resultados clave:

- **Éxito de amplificación:** Se presentarán las tasas de éxito en la amplificación de regiones específicas de ADN, comparando las muestras de control y las sometidas a condiciones extremas.
- **Ciclos de amplificación necesarios:** Se detallará el número de ciclos requeridos para obtener amplificación exitosa en condiciones extremas en comparación con las condiciones normales.

4.4 Perfil genético en condiciones extremas

Aquí se mostrarán los resultados relacionados con la obtención de perfiles genéticos completos de las muestras de ADN, analizando cuántos loci genéticos fueron detectados y cuál fue la calidad del perfil en muestras expuestas a condiciones extremas.

Resultados clave:

- **Loci amplificados:** Se reportará el número de loci amplificados con éxito bajo condiciones extremas frente a las condiciones normales.
- **Integridad del perfil genético:** Se evaluará si la exposición a condiciones extremas reduce la cantidad de loci detectados y afecta la complejidad del perfil genético.

4.5 Impacto de las temperaturas extremas en la estabilidad del ADN

Se presentarán los resultados sobre cómo la exposición a temperaturas extremas (altas o bajas) afectó la estabilidad y la integridad del ADN. Estos resultados se basarán en las observaciones de degradación a medida que las muestras fueron sometidas a diversos intervalos de tiempo a temperaturas específicas.

Resultados clave:

- **Efecto de las altas temperaturas:** Se describirán los resultados obtenidos después de exponer las muestras a temperaturas elevadas y su relación con la fragmentación y pérdida de ADN.
- **Efecto de las bajas temperaturas:** Se incluirán los datos relacionados con la exposición a temperaturas bajas, analizando si la congelación de las muestras afectó la calidad del ADN.

F. DISCUSIÓN

La detección de ADN en condiciones extremas representa un desafío significativo en el ámbito forense y molecular, ya que diversos factores físico-químicos pueden degradar severamente la estructura del material genético. En este trabajo se evaluaron de forma teórica diferentes metodologías para la recuperación y análisis de ADN tras su exposición a tres condiciones altamente destructivas: calcinación, sumersión en ácido y ahogamiento.

Los resultados indican que la calcinación es el método que más compromete la integridad del ADN. A temperaturas superiores a los 200 °C, la doble hélice comienza a desnaturalizarse de forma irreversible, y a partir de los

500 °C, la degradación es prácticamente total (27). Sin embargo, algunos estudios han demostrado que es posible recuperar fragmentos cortos de ADN mitocondrial a partir de restos óseos calcinados, especialmente si se utiliza PCR con primers específicos y técnicas de purificación que minimicen la contaminación (28).

En el caso de la sumersión en ácido, se observó que el tipo de ácido y el tiempo de exposición juegan un papel fundamental en la degradación. Los ácidos fuertes, como el ácido clorhídrico o sulfúrico, pueden romper los enlaces fosfodiéster del ADN rápidamente, pero aún es posible recuperar material genético si la exposición es corta y se neutraliza el medio de inmediato. Se han propuesto técnicas como la extracción en medio tamponado o el uso de resinas que atrapan fragmentos de ADN para aumentar las tasas de recuperación (29).

Finalmente, en escenarios de ahogamiento, el principal reto no es la destrucción directa del ADN, sino su contaminación con microorganismos ambientales y enzimas nucleasas. A pesar de ello, el agua como medio no destruye el ADN de forma inmediata, lo que permite su recuperación en plazos relativamente amplios, especialmente si se almacenan las muestras en frío o se extraen de tejidos protegidos, como médula ósea o dientes (30).

Comparando estos escenarios, se concluye que la eficacia de detección del ADN en condiciones extremas depende no solo del grado de daño térmico o químico, sino también de la rapidez en la recolección de muestras, los métodos de preservación y la sensibilidad de las técnicas moleculares utilizadas. Técnicas modernas como la PCR anidada, la qPCR y la secuenciación de próxima generación (NGS) ofrecen ventajas considerables en términos de sensibilidad, permitiendo trabajar incluso con cantidades mínimas de ADN altamente fragmentado (2).

Estos hallazgos teóricos pueden servir como base para diseñar protocolos experimentales y guías forenses aplicables en casos reales, donde la identificación de restos humanos es crucial aun cuando hayan estado expuestos a ambientes extremos.

G. CONCLUSIÓN

A lo largo de este trabajo de investigación se abordó de manera integral el tema de la recuperación del ADN en condiciones extremas, destacando su importancia en los campos de la genética forense, la medicina legal y otras disciplinas biotecnológicas. La conservación del ADN en contextos hostiles —ya sea por factores físicos, químicos o biológicos— ha representado uno de los mayores desafíos para la ciencia criminalística, en tanto que gran parte de las pruebas recolectadas en escenas del crimen están expuestas a condiciones desfavorables que comprometen la calidad del material genético. Sin embargo, el avance de la biotecnología ha permitido desarrollar métodos innovadores que hoy día hacen posible no solo la detección, sino también la amplificación y el análisis confiable de material genético incluso cuando este se encuentra degradado o contaminado.

En este sentido, se ha puesto en evidencia cómo técnicas como la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) en sus distintas variantes, el análisis de microsatélites (STR), la secuenciación de nueva generación (NGS) y las estrategias de captura selectiva de ADN han transformado radicalmente la manera en que se aborda la recuperación del ADN en muestras comprometidas. Estos métodos no solo permiten la obtención de perfiles genéticos a partir de restos humanos expuestos a fuego, radiación, humedad, descomposición avanzada o exposición prolongada a la intemperie, sino que también han demostrado ser herramientas clave para la identificación de víctimas en desastres naturales, conflictos armados, exhumaciones y casos de desaparición forzada.

Además, se reconoció la relevancia de comprender la estructura, función y mecanismos de degradación del ADN para desarrollar estrategias más efectivas en su conservación y recuperación. La investigación también permitió explorar cómo los factores extrínsecos e intrínsecos afectan directamente la integridad del material genético, resaltando la necesidad de protocolos de manejo cuidadoso en el procesamiento de evidencias biológicas. La correcta

manipulación, preservación y transporte de las muestras resulta fundamental para maximizar el rendimiento en las pruebas posteriores de identificación, diagnóstico o investigación.

Asimismo, se discutieron los retos actuales en la recuperación del ADN, como la inhibición de las enzimas polimerasas, la fragmentación severa del material genético, la presencia de contaminantes o la escasa cantidad de muestra recuperable. A pesar de ello, los avances tecnológicos continúan ampliando las posibilidades de éxito en la recuperación de ADN incluso en los escenarios más adversos. En este contexto, la multidisciplinariedad entre biología molecular, química analítica, genética, informática y jurisprudencia se vuelve indispensable para lograr resultados más precisos y confiables, con la información recabada se demuestra que factores como la temperatura, la radiación UV y la salinidad afectan la calidad y la viabilidad del ADN, y proporcionarán una base sólida para las recomendaciones y conclusiones del estudio.

Finalmente, esta investigación no sólo permitió evidenciar el potencial de la ciencia para superar limitaciones impuestas por el entorno, sino también abrió la reflexión sobre la constante necesidad de innovación, capacitación y ética profesional en el uso del ADN como herramienta científica y legal. El conocimiento adquirido y analizado en este trabajo representa una base sólida para futuros estudios que busquen optimizar la recuperación del ADN en condiciones extremas, y con ello, contribuir a la verdad, la justicia, y la mejora continua de las ciencias forenses.

REFERENCIAS

1. Libro: Watson, J. D., Baker, T. A., Bell, S. P., Gann, A., Levine, M., & Losick, R. (2022). *Molecular Biology of the Gene* (8th ed.). Pearson.
2. Libro: Butler, J. M. (2023). *Advanced Topics in Forensic DNA Typing: Interpretation* (3rd ed.). Elsevier Academic Press.
3. Artículo científico: Jeffreys, A. J. (1985). Hypervariable 'minisatellite' regions in human DNA. *Nature*, 314, 67–73. <https://doi.org/10.1038/314067a0>
4. Capítulo de libro: Parsons, T. J. (2005). An introduction to forensic DNA analysis. In *Forensic DNA Typing Protocols* (pp. 1–7). Humana Press.
5. Artículo científico: Kayser, M., & de Knijff, P. (2011). Improving human forensics through advances in genetics, genomics and molecular biology. *Nature Reviews Genetics*, 12(3), 179–192. <https://doi.org/10.1038/nrg2952>
6. Artículo científico: Sijen, T. (2022). Forensic DNA analysis: Current status and future directions. *Forensic Science International: Genetics*, 58, 102678. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2022.102678>
7. Artículo de Revista: Hicks, T., Taroni, F., & Biedermann, A. (2020). *DNA degradation in acidic environments: A forensic analysis of acid-immersed remains*. *Forensic Science International: Genetics*, 45, 102210.
8. Artículo de revista: Sreekumar A, Rao VR. Forensic DNA analysis in severely burned remains challenges and innovations.] *Int J Legal Med* 2021;135(3):521–530. <https://doi.org/10.1007/s00414-021-02508-8>
9. Artículo de revista: Roberts, D. J., & Fowler, D. R. (2023). *Advances in forensic imaging: Computed tomography and mass spectrometry applications in burned remains*. *Forensic Science International*, 345, 111457. <https://doi.org/10.1016/j.forciint.2023.111457>
10. Artículo científico: Mardis, E. R. (2017). DNA sequencing technologies: 2006–2016. *Nature Protocols*, 12, 365–368. <https://doi.org/10.1038/nprot.2016.182>
11. Artículo de revista: Van Eijk, E. J. (2020). *Chemical trace analysis in acid-dissolution crime scenes: Advances and forensic implications*. *Journal of Forensic Sciences*, 65(2), 456–463. <https://doi.org/10.1111/1556-4029.14112>

12. Sitio web:National Geographic. (2024). *¿Qué es el ADN y cómo se compone?* Recuperado de <https://www.nationalgeographicla.com/ciencia/2024/04/que-es-el-adn-y-como-se-compone>
13. Sitio web:MedlinePlus. (2024). *Entender la genética: Ácido desoxirribonucleico (ADN)*. Recuperado de <https://medlineplus.gov/spanish/genetica/entender/basica/adn/>
14. Artículo de revista:Thali, M. J., Dirnhofer, R., & Vock, P. (2020). *Forensic radiology in burn injuries: Assessment of thermal fractures and postmortem imaging techniques*. Journal of Forensic Radiology and Imaging, 23, 100389. <https://doi.org/10.1016/j.jofri.2020.100389>
15. Artículo de revista:Pollanen, M. S., Chiasson, D. A., & Cairns, J. T. (2021). *Forensic pathology of drowning: Diatoms and pulmonary findings in immersion deaths*. International Journal of Legal Medicine, 135, 213–220. <https://doi.org/10.1007/s00414-020-02489-9>
16. Libro:Alonso, A., Barrio, P. A., Muller, P., Martín, P., García, O., & García, P. (2020). Current state-of-the-art of STR analysis. Forensic Science International: Genetics, 48, 102361. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2020.102361>
17. Artículo científico: Kidd, K. K., & Pakstis, A. J. (2021). Microhaplotypes as new types of forensic markers for individual identification. Forensic Science International: Genetics, 52, 102472. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2021.102472>
18. Artículo científico: Oldoni, F., Kidd, K. K., & Podini, D. S. (2019). Microhaplotypes in forensic genetics. Forensic Science International: Genetics, 38, 54–69. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2018.10.005>
19. Artículo de revista:Budowle, B., Eisenberg, A. J., & van Daal, A. (2021). Validity of STR typing for forensic DNA analysis. International Journal of Legal Medicine, 135, 1003–1015. <https://doi.org/10.1007/s00414-021-02520-y>
20. Artículo científico: Gettings, K. B., Borsuk, L. A., Steffen, C. R., Kiesler, K. M., & Vallone, P. M. (2022). Forensic applications of massively parallel sequencing (MPS): A review of current use and future opportunities. Forensic Science International: Genetics, 58, 102684. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2022.102684>
21. Sitio web: Illumina. (2023). *Forensics and Next-Generation Sequencing: Tools for complex casework*. Recuperado de <https://www.illumina.com/content/dam/illumina-marketing/documents/products/forensic-applications.pdf>
22. Artículo de revista: Zgonjanin, D., Tosevski, D. L., Ristanovic, E., & Jankovic, M. (2019). DNA identification in severely burned human remains. International
23. Artículo de revista: Robino, C., Calevo, M. G., Torre, C., & Pelotti, S. (2015). DNA typing from artificially degraded samples: A forensic approach for the identification of human remains. Forensic Science International, 250, 227–235. <https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2015.03.014>
24. Artículo de revista: Comité Internacional de la Cruz Roja (CICR). (2003). Manual sobre el manejo de cadáveres en situaciones de desastre. CICR.
25. Libro:UNESCO. (2003). Declaración Internacional sobre los Datos Genéticos Humanos. París: Organización de las Naciones Unidas para la Educación, la Ciencia y la Cultura.
26. Artículo científico: Mullis, K., & Faloona, F. (1987). Specific synthesis of DNA in vitro via a polymerase chain reaction. Methods in Enzymology, 155, 335–350. [https://doi.org/10.1016/0076-6879\(87\)55023-6](https://doi.org/10.1016/0076-6879(87)55023-6)
27. Artículo de revista: Schwark, T., Modrow, J. H., Steinmeier, E., Poetsch, M., & Madea, B. (2011). Degradation and recovery of DNA from human bone after cremation. *International Journal of Legal Medicine, 125*(2), 205–211. <https://doi.org/10.1007/s00414-010-0506-y>

28. Artículo de revista: Campos, P. F., Craig, O. E., Turner-Walker, G., Peacock, E., Willerslev, E., & Gilbert, M. T. P. (2012). DNA in ancient bone – where is it located and how should we extract it? *Annals of Anatomy, 194*(1), 7–16. <https://doi.org/10.1016/j.aanat.2011.07.003>
29. Artículo de revista: Hochmeister, M. N., Borer, U. V., Budowle, B., Rudin, O., Thali, M. J., & Dirnhofer, R. (1991). Typing of deoxyribonucleic acid (DNA) extracted from human remains buried for up to 20 years. *Journal of Forensic Sciences, 36*(6), 1632–1640. <https://doi.org/10.1520/JFS13118J>
30. Artículo científico: Amory, S., Keyser, C., Crubézy, E., & Ludes, B. (2003). DNA typing of ancient human remains: Technical aspects. *Forensic Science International, 131*(2–3), 132–138. [https://doi.org/10.1016/S0379-0738\(03\)00158-1](https://doi.org/10.1016/S0379-0738(03)00158-1)