



Universidad Autónoma De Querétaro

Facultad De Derecho

Licenciatura en Criminología

**COMPARACIÓN DE DOS MÉTODOS DE EXTRACCIÓN DE
ADN EN TEJIDOS PORCINOS SOMETIDOS A
DEGRADACIÓN POR SUMERSIÓN A 24, 48 Y 72 HORAS
POST MORTEM**

Tesis

Que como parte de los requisitos para obtener el título de
Licenciadas en Criminología

Presenta:

Nancy Lizzeth Argueta Celis
María del Carmen Castillo Ramírez

Dirigido por:

Dra. Rosa Martha Pérez Serrano

Nombre del Sinodal: Dra. Rosa Martha Pérez Serrano
Presidente

Nombre del Sinodal: Mtra. María Guadalupe García Martínez
Secretario

Nombre del Sinodal: Mtro. Raúl Martínez González
Vocal

Nombre del Sinodal: Mtra. Ana Karen Ordaz Soriano
Suplente

Nombre del Sinodal: Dr. Rubén Abraham Domínguez Pérez
Suplente

Centro Universitario, Querétaro, Qro.

Fecha de aprobación por el Consejo Universitario (Mes y año) México

La presente obra está bajo la licencia:
<https://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/deed.es>



CC BY-NC-ND 4.0 DEED

Atribución-NoComercial-SinDerivadas 4.0 Internacional

Usted es libre de:

Compartir — copiar y redistribuir el material en cualquier medio o formato

La licenciante no puede revocar estas libertades en tanto usted siga los términos de la licencia

Bajo los siguientes términos:



Atribución — Usted debe dar [crédito de manera adecuada](#), brindar un enlace a la licencia, e [indicar si se han realizado cambios](#). Puede hacerlo en cualquier forma razonable, pero no de forma tal que sugiera que usted o su uso tienen el apoyo de la licenciante.



NoComercial — Usted no puede hacer uso del material con [propósitos comerciales](#).



SinDerivadas — Si [remezcla, transforma o crea a partir](#) del material, no podrá distribuir el material modificado.

No hay restricciones adicionales — No puede aplicar términos legales ni [medidas tecnológicas](#) que restrinjan legalmente a otras a hacer cualquier uso permitido por la licencia.

Avisos:

No tiene que cumplir con la licencia para elementos del material en el dominio público o cuando su uso esté permitido por una [excepción o limitación](#) aplicable.

No se dan garantías. La licencia podría no darle todos los permisos que necesita para el uso que tenga previsto. Por ejemplo, otros derechos como [publicidad, privacidad, o derechos morales](#) pueden limitar la forma en que utilice el material.

DEDICATORIAS

A mi familia Argcel por darme las herramientas para crecer, su guía y por celebrar cada uno de mis pasos. Sin su sentía y cariño, este trayecto no habría sido el mismo

A Horacio Martínez por la calma en los días difíciles, por las palabras precisas en el momento adecuado y por caminar a mi lado celebrando cada avance. Gracias por tu amor y por ser parte fundamental de esta meta alcanzada.

Quiero dedicar esta tesis a mis padres Pedro e Isabel, por todo su apoyo incondicional que me brindaron durante toda mi etapa escolar y universitaria, gracias por cada esfuerzo, dedicación y apoyo que me brindaron, gracias por creer en mí, esto es por y para ustedes.

A mis hermanos Armando, Guadalupe y Pedro, por estar conmigo en esta etapa de mi vida. Los quiero muchísimo, hermanos.

A Juan Carlos Chávez Cervantes, gracias por brindarme amor y apoyo incondicional, por alentarme cada día, este momento también es por y para ti.

A Bruno y Canelo, que no han sido parte desde el inicio, pero si en este fin tan especial e importante.

AGRADECIMIENTOS

A nuestra Directora de Tesis, la Dra. Rosa Martha Pérez Serrano, expresamos nuestro más profundo agradecimiento por su guía experta, su confianza y su liderazgo constante a lo largo de este trabajo. Gracias por transmitirnos su rigor académico, por sus acertadas correcciones y por orientar este proyecto hacia su culminación con excelencia.

Al Laboratorio de Investigación de Pregrado de la Facultad de Medicina de la UAQ en especial a la Técnico de Laboratorio Guadalupe Saray Escamilla Luna y a la Dra. Sarahí Rodríguez González por su apoyo en la realización de este estudio.

Al Laboratorio de Epidemiología en "Una Salud" (LEUS), del Centro de Investigación Biomédica Avanzada (CIBA) de la Facultad de Medicina de la UAQ, por abrirnos las puertas y brindarnos no solo los materiales e insumos necesarios, sino también la confianza y el apoyo para llevar a cabo nuestra investigación.

ÍNDICE

I.	1	
I.I.	CIENCIAS FORENSES	2
I.II	GENÉTICA FORENSE	3
II.	5	
II.I.	SITUACIÓN EN MÉXICO	7
II.II.	LA DIFICULTAD DE IDENTIFICACIÓN DE PERSONAS	10
II.III.	MÉTODOS DE IDENTIFICACIÓN EN MÉXICO	12
II.IV.	HUELLA DE ADN	13
II.V.	TECNICÁS DE RECOLECCIÓN DE ADN Y CADENA DE CUSTODIA	14
III.	JUSTIFICACIÓN	15
IV.	HIPÓTESIS	16
V.	PREGUNTA DE INVESTIGACIÓN	16
VI.	OBJETIVO GENERAL	17
VI.I.	OBJETIVOS PARTICULARES	17
VII.	MATERIAL Y MÉTODOS	17
VII.I.	DISEÑO	17
VII.II.	DEFINICIÓN DEL UNIVERSO	17
VII.III.	TAMAÑO DE LA MUESTRA	17
VII.IV.	DEFINICIÓN DEL GRUPO CONTROL	18
VII.V.	DEFINICIÓN DE VARIABLES Y UNIDADES DE MEDIDA	18
VII.VI.	PROCEDIMIENTO	19
VII.VI.I	Extracción de ADN Fenol Cloroformo	19
VII.II.II	Extracción de ADN (TRIzol)	20
VIII.	FLUJO DEL EXPERIMENTO	21
IX.	RESULTADOS	24
X.	CARACTERÍSTICAS DE LAS MUESTRAS DE TEJIDO MUSCULAR	24
XI.	RESULTADOS OBTENIDOS SOBRE LA CONCENTRACIÓN Y LA PUREZA DEL ADN.	30
XII.	COMPARACIÓN ENTRE LOS DOS MÉTODOS DE EXTRACCIÓN DE ADN	32
XIII.	RESULTADOS SOBRE LA INTEGRIDAD DE LAS MUESTRAS PROCESADAS MEDIANTE AMBOS MÉTODOS.	36
XIV.	DISCUSIÓN	38
XV.	41	
XVI.	REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	41

ÍNDICE DE CUADROS

Tabla 1.....	23
Tabla 2.....	24
Tabla 3.....	28
Tabla 4.....	31
Tabla 5.....	32
Tabla 6.....	33
Tabla 7.....	33
Tabla 8.....	34
Tabla 9.....	35
Tabla 10.....	35
Tabla 11.....	36
Tabla 12.....	36
Tabla 13.....	37

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1.....	27
Figura 2.....	38
Figura 3.....	38

RESUMEN

La identificación genética de muestras biológicas degradadas representa un reto para las ciencias forenses, ya que la exposición ambiental puede disminuir la cantidad, la pureza y la integridad del ADN. El objetivo de esta investigación fue comparar la eficiencia de dos métodos de extracción, fenol-cloroformo y TRIzol, en tejido muscular porcino sometido a sumersión durante 24, 48 y 72 horas, frente a un grupo control a 0 horas. Se realizó un estudio experimental in vitro. Las muestras fueron procesadas mediante ambos métodos y, posteriormente, se determinaron la concentración de ADN, las relaciones de pureza 260/280 y 260/230, así como la integridad mediante electroforesis en gel de agarosa. La concentración de ADN se comparó mediante un modelo lineal mixto, considerando el método, el tiempo de sumersión y su interacción como efectos fijos, y el ID de la muestra como efecto aleatorio. Los resultados mostraron que el fenol-cloroformo obtuvo concentraciones de ADN superiores a las de TRIzol. Fenol-cloroformo presentó una media de 141.85 ± 96.74 ng/ μ L, mientras que TRIzol presentó 9.44 ± 12.37 ng/ μ L. El modelo estadístico mostró diferencias significativas por método, por tiempo de sumersión y por la interacción método $\times$ tiempo. Además, fenol-cloroformo presentó valores de pureza más estables y bandas electroforéticas más definidas. Se concluye que el fenol-cloroformo fue más eficiente que TRIzol para la recuperación de ADN del tejido muscular porcino sometido a degradación mediante sumersión. Estos resultados aportan evidencia experimental preliminar para la selección de métodos de extracción en muestras biológicas degradadas.

Palabras clave: genética forense; extracción de ADN; fenol-cloroformo; TRIzol; sumersión; tejido muscular porcino.

ABSTRACT

Genetic identification of degraded biological samples presents a challenge for forensic science, as environmental exposure can decrease the quantity, purity, and integrity of DNA. The objective of this research was to compare the efficiency of two extraction methods, phenol-chloroform and TRIzol, in porcine muscle tissue subjected to immersion for 24, 48, and 72 hours, with a control group at 0 hours. An in vitro experimental study was conducted. Samples were processed using both methods, and subsequently, DNA concentration, purity ratios (260/280 and 260/230), and integrity were determined by agarose gel electrophoresis. DNA concentration was compared using a linear mixed model, considering the method, immersion time, and their interaction as fixed effects, and the sample ID as a random effect. The results showed that phenol-chloroform yielded higher DNA concentrations than TRIzol. Phenol-chloroform showed a mean of 141.85 ± 96.74 ng/ μ L, while TRIzol showed 9.44 ± 12.37 ng/ μ L. The statistical model showed significant differences by method, immersion time, and the method $\times$ time interaction. Furthermore, phenol-chloroform exhibited more stable purity values and more defined electrophoretic bands. It is concluded that phenol-chloroform was more efficient than TRIzol for DNA recovery from porcine muscle tissue degraded by immersion. These results provide preliminary experimental evidence for the selection of extraction methods in degraded biological samples.

Keywords: forensic genetics; DNA extraction; phenol-chloroform; TRIzol; immersion; porcine muscle tissue.

I. INTRODUCCIÓN

Dentro de las ciencias forenses, la genética forense es un área de gran relevancia; Aguilar (2023) señala que constituye un ámbito de aplicación del orden jurídico y que una de las pericias más solicitadas es la identificación de restos óseos. La genética forense es una herramienta esencial para resolver problemas de identificación de restos óseos en México, debido a la alta demanda de reconocimiento de restos humanos (Cruz, 2022).

Álvarez y colaboradores (2010) comentan que existen grupos que se dedican a la investigación para así descubrir un método eficiente en la identificación de restos humanos para facilitar la resolución de la problemática que pueda existir en la genética forense. No hay certeza de qué método es adecuado para identificar restos humanos en condiciones extremas, por lo que es importante obtener una muestra de calidad para responder a la pregunta.

La identificación de restos humanos en la actualidad se ha convertido en un reto, debido a que, al morir, las células del cuerpo entran en procesos de putrefacción y comienza la degradación de los tejidos, lo que provoca un mayor daño al ADN. Cuando se recuperan muestras y se envían al laboratorio, cabe la posibilidad de que no se logre una identificación correcta o que simplemente no sea posible realizar un análisis exhaustivo, ya que las muestras no siempre se recuperan en condiciones adecuadas para su análisis.

Existe una gran problemática, como señala Aguilar (2023), ya que la mayoría de las muestras obtenidas provienen de fosas clandestinas con restos en un estado avanzado de descomposición. Esto implica que el ADN obtenido probablemente esté muy degradado, lo que dificulta obtener resultados precisos. Además, los restos óseos expuestos a condiciones extremas, como la sumersión o la exposición ambiental, no siempre permiten obtener muestras de ADN de buena calidad.

Aguilar (2023) dice que estos casos son poco frecuentes, pero cuando se presentan en un laboratorio de genética, ahí radica el verdadero problema, dado que aún no se ha estandarizado un método de extracción de ADN de calidad que permita obtener un resultado favorable.

I.I. CIENCIAS FORENSES

“La Ciencia Forense se define como el conjunto estructurado y sistematizado de conocimientos, de carácter científico, jurídico y técnico, que se aplican al análisis de los hechos, materia de conflicto judicial, y que permiten dar seguimiento y continuidad al proceso hasta que se presentan los resultados ante la autoridad jurídica correspondiente, para coadyuvar en la procuración y administración de la justicia.” (UNAM, 2014)

Por otro lado, las ciencias forenses tienen una gran variedad de definiciones debido a las diferentes ramas que las componen y a los objetivos de cada una; debe tenerse en cuenta que las ciencias forenses y la criminalística son cosas diferentes, pero se encuentran relacionadas entre sí (Chávez, 2013). Las ciencias forenses se componen, como lo dice su nombre, de varias ciencias que se encargan de coadyuvar en la impartición de justicia, entre las cuales se encuentran la criminalística, la química forense, la dactiloscopia, la grafoscopia, la balística, la genética forense, entre otras (López, 2021).

Aunque las ciencias forenses se sustentan en varias disciplinas, desarrollan sus propios métodos y técnicas basados en los conocimientos de otras ciencias. Por ejemplo, la genética forense es una ciencia que utiliza conocimientos de la genética para realizar pruebas en indicios de índole biológica, con el fin de establecer el parentesco, la identidad de una persona, entre otras pruebas; estas se realizan siguiendo los métodos y técnicas propios de la genética (López, 2021). Sin embargo esto también representa un problema ya que se cuestiona la fiabilidad de estas ciencias al no tener sus métodos propios, pero además de esto las ciencias forenses presentan numerosas limitaciones ya que los equipos que se utilizan en estas ciencias suelen presentar un fuerte gasto de dinero

debido a lo caros que pueden ser, el tiempo que puede tardar en resolverse un caso depende del tiempo que conlleve examinar los indicios en los diferentes laboratorios así y una de las limitantes más grandes es la disponibilidad de los indicios para poder realizarles los estudios necesarios ya que muchas veces pueden degradarse, agotarse, se insuficientes o simplemente que sean tan poco que no se pueda emitir un resultado (Hernández, 2020).

I.II GENÉTICA FORENSE

La genética es una ciencia que estudia los seres vivos, sus estructuras y sus procesos; se encarga de describir los genes y los patrones de herencia, y cuenta con ramas como la genética molecular, poblacional, ecológica y forense. La genética forense es una rama de la genética que incluye diversos conocimientos genéticos necesarios, en algunos casos, para resolver problemas jurídicos (De la Barrera, 2025)

El material de estudio de la genética forense es aquel vestigio biológico que puede analizarse en un laboratorio mediante alguna de sus técnicas. Estas muestras generalmente se obtienen de los lugares de intervención o de las personas implicadas en la comisión de un delito. Los seres humanos comparten el 99% de su ADN, pero la genética permite identificar ese 1% que los diferencia. Esto se debe a los polimorfismos del ADN nuclear y/o mitocondrial y del cromosoma Y, lo que representa un avance significativo en la investigación científica forense (Turpo y Turpo, 2025).

Durante el paso del tiempo el área de la genética ha presentado diversos avances en el uso de técnicas de extracción, procurando que tengan un menor costo y sean más sencillos de llevar a cabo; el fenol-cloroformo es uno de los métodos más eficaces de extracción para cualquier muestra, sin embargo el proceso es muy laborioso y durante el proceso se utilizan compuestos tóxicos que representan un riesgo para quien los manipula, además de que al contener fenol y cloroformo se deben realizar lavados para poder eliminar los residuos de los disolventes utilizados durante el proceso (Ríos *et al.*, 2016).

Otro de los métodos que se utilizan en los laboratorios de genética forense para la extracción de ADN son los kits comerciales, los cuales cuentan con diferentes amortiguadores y materiales para una extracción eficaz y sencilla que puede realizarse en poco tiempo. Sin embargo, el costo de estos productos es elevado y se obtiene una cantidad muy pequeña de ADN pero de alta pureza (Salazar et al., 2022).

Por otro lado, el método de extracción con TRIzol se emplea principalmente para extraer ADN de distintos tipos de tejidos. Gracias a sus componentes, este método preserva la integridad del ADN durante la extracción y, al mismo tiempo, altera la estabilidad celular, lo que facilita la liberación del ADN y su preparación para el análisis (Heidary y Pahlevan, 2014).

Estas técnicas se han aplicado en diversos casos; sin embargo, no existe una estandarización de estos métodos para la extracción de ADN y, por supuesto, en tejidos expuestos a condiciones extremas. Actualmente, aislar ADN presenta dificultades debido a la condición del tejido; resulta complicado obtener ADN de buena calidad por su degradación, lo que afecta el rendimiento y dificulta el éxito de los análisis forenses posteriores (De la Barrera, 2025).

Un aspecto adicional que dificulta el uso de la muestra de ADN es la Cadena de Custodia. Si se presenta alguna irregularidad en ella, la muestra recuperada en el lugar de intervención podría ser descartada por incumplimiento del protocolo. Siguiendo la Guía Nacional de Cadena de Custodia, cuando un indicio mantiene su cadena de custodia adecuada, se garantiza la integridad y la autenticidad de la muestra. Además, se previenen las alteraciones o contaminaciones que podrían comprometer su validez (De la Barrera, 2025).

Garantizar la Cadena de Custodia asegura que la muestra de ADN recolectada contribuya a la búsqueda de la verdad, lo cual es crucial para la identificación de las personas. Sin embargo, no exige que se cuente obligatoriamente con un

método para aislar el ADN correctamente; sólo exige su integridad. Es importante aclarar que la Cadena de Custodia es fundamental para garantizar la autenticidad y validación jurídica de la muestra (UNAM, 2014).

II. ANTECEDENTES

La identificación de personas mediante la extracción de ADN representa un paso importante en las ciencias forenses, ya que constituye el último recurso disponible para determinar la identidad de los restos en estados irreconocibles. En los últimos años, en México, se ha vuelto bastante relevante la identificación de personas mediante la extracción del ADN presente en restos humanos. Prieto (2009) menciona que cualquier tejido que contenga células nucleadas es una fuente adecuada para el estudio del ADN; sin embargo, este tejido no se conserva durante mucho tiempo después de la muerte. Aunque este no es el único factor que puede afectar la preservación de los tejidos, el problema puede surgir desde el momento en que se recogen las muestras en una escena del crimen.

Dentro de la genética forense se utilizan diferentes métodos para la obtención de resultados, Pérez (2022) nos dice que las muestras de ADN son afectadas por tres razones en particular, primero la cantidad ya que a pesar de la técnica utilizada cuando se tiene muy poca muestra es difícil tener resultados, segunda razón la degradación del ADN esto se refiere a la exposición a diferentes condiciones ambientales o la contaminación bacteriana o micótica de la muestra, y por último, la pureza de la muestra ya que esta puede presentar suciedad, grasa, colorantes, tierra, impurezas y otros contaminantes que afecten la amplificación de la muestra.

Aunque no solo las condiciones anteriores pueden afectar la muestra, sino que incluso el propio aire puede hacerlo, como nos menciona Pérez (2022):

“...las moléculas de oxígeno participan en reacciones oxidativas que modifican las bases del ADN y generan lesiones en las cadenas de ADN. Este proceso

conduce a una mayor degradación y a una distorsión helicoidal que pueden complicar los análisis genéticos posteriores.”

En el caso de los cuerpos enterrados, Pérez (2022) señala que la composición del suelo también afecta al análisis genético, aunque los huesos y los dientes son los que menos se ven afectados por estas condiciones y logran mantener un equilibrio con el ambiente, por lo cual *“Las modificaciones químicas de la hidroxiapatita y el ADN están influidas por el pH del entorno de depósito”* (Pérez, 2022).

Para ello, generalmente se emplea la técnica de extracción de ADN esquelético, cuyo objetivo, según Pérez (2022), es minimizar los daños y eliminar inhibidores que puedan interferir en los análisis genéticos posteriores. Esto permite mejorar la capacidad para purificar mayores cantidades de ADN de tejidos duros, lo que beneficia distintos contextos forenses y arqueológicos. Sin embargo, en esta investigación se utilizaron dos métodos distintos aplicados a muestras de carne porcina expuestas a condiciones extremas, con el fin de determinar cuál es el más idóneo para garantizar una extracción de ADN suficiente y eficaz para su posterior uso en análisis forenses.

En la conservación del ADN influyen múltiples factores, como el ambiente, el suelo, el tiempo y la temperatura. Esta última influye significativamente en la velocidad de degradación del material, lo que conduce a una degradación acelerada que puede dificultar el análisis genético. Esto afecta directamente el objetivo de las técnicas de extracción de ADN, ya que se debería poder maximizar su rendimiento y minimizar los posibles daños en el ADN (Sierra et al., 2017).

Varias investigaciones señalan que la calidad de las muestras de ADN extraídas de tejido blando es más compleja de analizar debido a los procesos de conservación, además de que se extrae una menor cantidad, en comparación con el ADN extraído de dientes y huesos, ya que no se ven contaminadas ni

afectadas por los procesos de descomposición. Uno de los contaminantes más frecuentes en el ADN es la proliferación bacteriana. Esto reduce la capacidad de extracción de ADN debido al tiempo transcurrido desde la muerte, lo que provoca la degradación de los tejidos y dificulta obtener una cantidad suficiente para el análisis (Hombreiro *et al.*, 2015)

Debido a las diferentes condiciones en las que un cuerpo se degrada, se han realizado investigaciones que demuestran que el ADN extraído del hueso compacto es más estable, por lo que se prefiere tomar este tipo de muestras para identificar cadáveres, teniendo en cuenta que es más laborioso extraer tejido blando del hueso (Gambini y Fonseca, 2021).

II.I. SITUACIÓN EN MÉXICO

En México, la identificación de restos humanos constituye uno de los principales desafíos de las ciencias forenses contemporáneas. La magnitud de la desaparición de personas, el hallazgo frecuente de fosas clandestinas, la recuperación de restos fragmentados y la existencia de cuerpos no identificados bajo resguardo institucional han configurado una crisis forense de alcance nacional. De acuerdo con la Comisión Nacional de Búsqueda, el Registro Nacional de Personas Desaparecidas y No Localizadas constituye una herramienta oficial para concentrar información sobre personas desaparecidas y no localizadas en el país, incluyendo datos sobre el lugar, el año de desaparición, el sexo y la edad de las personas reportadas (Comisión Nacional de Búsqueda [CNB], s. f.). En este contexto, la genética forense representa una herramienta fundamental para la identificación humana, especialmente cuando los métodos convencionales (como el reconocimiento visual, la dactiloscopia o la odontología forense) no resultan aplicables debido al estado avanzado de descomposición, fragmentación, carbonización o degradación de los restos.

No obstante, la obtención de perfiles genéticos confiables no depende únicamente de contar con tecnología molecular avanzada, sino también de la calidad de la muestra, del estado de conservación del ADN, de la correcta

cadena de custodia y de la aplicación de protocolos estandarizados y validados. En el país, los restos humanos pueden ser recuperados en condiciones ambientales altamente variables, tales como la sumersión en agua, la exposición prolongada a la humedad, el enterramiento en suelos con distinta composición fisicoquímica, la presencia de microorganismos, la exposición solar, el calcinamiento, la esqueletización o la fragmentación postmortem. Estas condiciones favorecen la degradación del ADN, la disminución de su concentración, la presencia de inhibidores de PCR y la obtención de perfiles parciales o no interpretables. La literatura especializada señala que el análisis de ADN degradado en genética forense requiere procedimientos específicos para mejorar la recuperación, purificación y amplificación del material genético, ya que la fragmentación del ADN y la presencia de inhibidores pueden comprometer la interpretación de los resultados (Pajnič, 2025). Por ello, resulta necesario evaluar, comparar y estandarizar métodos de extracción de ADN que mejoren la recuperación de material genético en muestras degradadas o sometidas a condiciones extremas.

La estandarización metodológica es particularmente relevante porque la identificación genética no debe entenderse como un procedimiento aislado, sino como parte de un proceso integral que incluye la recuperación de restos, la documentación, la antropología forense, el análisis genético, el cotejo con familiares, la interpretación estadística y la emisión de dictámenes periciales. En este sentido, los laboratorios de genética forense deben operar conforme a criterios de calidad, trazabilidad, competencia técnica y control de la contaminación. La norma ISO/IEC 17025 establece requisitos generales para demostrar que los laboratorios operan de manera competente y son capaces de generar resultados válidos, lo cual resulta especialmente importante en áreas periciales donde los dictámenes pueden tener consecuencias jurídicas, sociales y humanitarias (International Organization for Standardization [ISO], 2017). Por tanto, la acreditación de laboratorios, la validación de métodos, la calibración de equipos, la competencia del personal y el aseguramiento de la calidad son elementos indispensables para fortalecer la confiabilidad de las pruebas

genéticas forenses.

La problemática mexicana también evidencia la necesidad de contar con laboratorios especializados, bases de datos genéticas interoperables, bancos de perfiles familiares y mecanismos efectivos de coordinación entre fiscalías, comisiones de búsqueda, servicios médicos forenses e instituciones académicas. La falta de homologación de los procedimientos puede generar diferencias en la calidad de los resultados, retrasos en la identificación, repetición innecesaria de análisis, pérdida de material biológico valioso y mayor incertidumbre para las familias. En este sentido, el Protocolo Homologado para la Búsqueda de Personas Desaparecidas y No Localizadas establece la necesidad de coordinar y homologar procedimientos entre autoridades, instituciones y actores involucrados en la búsqueda e identificación de personas (CNB, 2020). En consecuencia, la validación de protocolos de extracción de ADN en condiciones específicas (por ejemplo, sumersión, enterramiento, calcinación o exposición prolongada a la humedad) no solo tiene valor técnico, sino también relevancia humanitaria, jurídica y social.

En el caso de restos sometidos a ambientes acuáticos o terrestres, la investigación experimental adquiere especial importancia, ya que la degradación del ADN está influida por múltiples factores, entre ellos la temperatura, el pH, la salinidad, la humedad, la actividad microbiana, el tipo de tejido, el tiempo postmortem y la presencia de sustancias inhibidoras. En muestras de suelo recuperadas, por ejemplo, se ha descrito que los ácidos húmicos pueden coextraerse con el ADN y actuar como inhibidores de procedimientos enzimáticos, como la PCR, lo que dificulta la obtención de perfiles genéticos útiles (Schmerer, 2024). Por ello, comparar métodos de extracción como fenol-cloroformo, TRIzol u otros sistemas comerciales permite identificar cuáles ofrecen mayor rendimiento, pureza y amplificabilidad del ADN en condiciones adversas. Esta información puede contribuir a la toma de decisiones en laboratorios forenses, especialmente cuando se trabaja con muestras limitadas, degradadas o irrepetibles.

La crisis forense en México ha sido reconocida por organismos nacionales e internacionales como un problema estructural. La Oficina en México del Alto Comisionado de las Naciones Unidas para los Derechos Humanos señaló que, de acuerdo con datos públicos, más de 52,000 personas fallecidas sin identificar se encontraban en fosas comunes, servicios forenses, universidades y centros de resguardo forense, lo que evidencia la magnitud del rezago institucional en materia de identificación humana (ONU-DH México, 2022). Asimismo, la Comisión Interamericana de Derechos Humanos informó que, al cierre de su informe en junio de 2025, se registraban más de 128,000 personas desaparecidas y conteos independientes estimaban más de 70,000 cuerpos sin identificar en México (Comisión Interamericana de Derechos Humanos [CIDH], 2026). Estos datos muestran que la genética forense no solo debe fortalecerse desde el punto de vista técnico, sino también como parte de una política pública orientada a garantizar la verdad, la justicia, la identidad y la reparación.

Finalmente, abordar la crisis forense en México exige reconocer que la identificación humana no es únicamente un problema técnico, sino una obligación del Estado frente a las víctimas y sus familias. Cada resto humano no identificado representa una identidad pendiente, una investigación inconclusa y una familia sin respuesta. La International Society for Forensic Genetics ha señalado que la genética forense desempeña un papel fundamental en procesos complejos de identificación humana, particularmente en contextos en los que los restos se encuentran degradados, fragmentados o resultan difíciles de reconocer mediante medios convencionales (Prinz *et al.*, 2007). Por ello, fortalecer la genética forense mediante métodos validados, laboratorios acreditados, personal especializado y protocolos homologados resulta indispensable para mejorar la capacidad institucional de identificación, reducir el rezago forense y garantizar procesos periciales científicamente sólidos, éticamente responsables y jurídicamente defendibles.

II.II. LA DIFICULTAD DE IDENTIFICACIÓN DE PERSONAS

Retomando el punto anterior con referencia a la crisis forense por la que actualmente atraviesa México, esta ola de violencia deja como resultado cuerpos que no se les da la sepultura inmediata según las creencias y costumbres de cada familiar debido a que estos cuerpos son depositados en diferentes contextos de violencia, asimismo, experimenta la descomposición por fenómenos cadavéricos tardíos, por ende, su identificación suele ser altamente difícil, lo que compromete el resultado de identificación de las personas (Villanueva, 2016).

El cuerpo, al ser depositado en un contexto de violencia, se degrada en gran medida, lo que dificulta la aplicación de métodos tradicionales de identificación, como la dactiloscopia, y la obtención de resultados objetivos. Aunque la dactiloscopia es una pieza importante, necesita apoyarse en la genética forense para proporcionar los resultados necesarios para responder a esta problemática y aportar herramientas a la crisis forense (Muñoz, 2022).

Un punto relevante que menciona Muñoz (2022) es que los mecanismos de búsqueda vigentes han sido de gran importancia para la sociedad, ya que, si se realiza una correcta identificación, se obtienen resultados sumamente objetivos; sin embargo, la saturación existente en México solo da como resultado un alto déficit para resolver la problemática.

Siendo así, actualmente, identificar a una persona sin vida encontrada en contextos de violencia y que además ha sido expuesta a condiciones climatológicas altamente extremas complejiza cada uno de los métodos tradicionales existentes, sumándose a ello la genética forense, que aborda esta problemática (Hernández, 2023).

Hoy en día, los expertos en el tema atraviesan por uno de los mayores retos al que se enfrenta la genética forense, asimismo es importante señalar que la degradación es uno de los factores que impactan en el ADN, ya que el cuerpo al estar expuesto en una condición ambiental extrema los factores que constituyen

ese contexto se ven envueltos en uno mismo, es decir, esos factores influyen directamente en el ADN, ya que al estar en contacto los restos humanos y ese ambiente se ve afectado por el lapso de tiempo que los restos están expuestos, por ejemplo, un cuerpo que es sumergido en agua de alguna laguna y está ahí por más de 72 horas, el ADN que se recolecta necesitará más que un método simple para obtener resultados y es aquí cuando los métodos tradicionales se vuelven ineficientes para este tipo de situaciones (Hernández, 2023).

II.III. MÉTODOS DE IDENTIFICACIÓN EN MÉXICO

Como menciona Caiza y colaboradores (2024) en México actualmente existen distintos métodos de identificación humana en cadáveres, dicho esto, estos se centran en técnicas como antropométricas y métricas, siendo así que se basan en la medición de partes del cuerpo y en algunos de los casos en huesos si es que fuera el caso; los huesos que requieren de estas técnicas es el fémur, tibia, cráneo y las extremidades, así mismo como la recopilación de datos antropométricos que den información necesaria para la identificación de la persona. De igual forma, la odontología forense es importante para la identificación de una persona, ya sea con vida o sin vida. Asimismo, se mencionó anteriormente, un método tradicional llamado dactiloscopia que este método utiliza los registros dactilares y la relación que puedan existir con datos que se tengan registrados. Siguiendo la idea de Caiza y colaboradores (2024) en México se utiliza la radiología mediante la tomografía computarizada y resonancia magnética para detallar estructuras craneales y dentales, siendo así que este método permite generar una comparación entre registros que se tengan y así mismo generar nueva base de datos para futuras comparaciones.

Finalmente, uno de los métodos que ofrece resultados objetivos es la genética forense, así como las herramientas que proporciona para identificar a personas y para otros fines. Aunque en México ya se utilizan estos métodos, no siempre resultan necesarios, pues los distintos contextos relacionados con la muerte y la identificación de personas requieren procesos complejos para obtener respuestas. Además, hay un gran déficit en la localización e identificación de

personas o cadáveres.

II.IV. HUELLA DE ADN

La huella genética puede entenderse como el conjunto de características del ADN que permite diferenciar biológicamente a un individuo de otro. De acuerdo con Hinke (2003), esta información genética es única e irrepetible en cada ser humano y se encuentra presente en prácticamente todas las células nucleadas del organismo, como las células epiteliales, sanguíneas y musculares, así como en las células de la raíz del cabello. Desde su aplicación inicial en el ámbito forense, las huellas de ADN demostraron un alto valor para establecer vínculos biológicos e individualizar a las personas a partir de muestras biológicas, lo que permitió su incorporación progresiva como evidencia científica en investigaciones criminales y en procesos de identificación humana (Gill *et al.*, 1985).

Las huellas de ADN son relevantes en los procesos de identificación debido a su alto poder de discriminación. Cuando las muestras biológicas se conservan en condiciones adecuadas, es posible obtener perfiles genéticos completos y compararlos con muestras de referencia, con bases de datos o con perfiles familiares. En la práctica forense moderna, el análisis de regiones STR (short tandem repeats) constituye uno de los métodos más utilizados para la identificación humana, debido a su variabilidad entre individuos y a su utilidad para el cotejo de perfiles genéticos (Butler, 2005). Sin embargo, este proceso se vuelve más complejo cuando la persona ya no está viva o cuando los restos han estado expuestos a condiciones ambientales extremas, como la humedad prolongada, la sumersión, el enterramiento, las altas temperaturas, el calcinamiento, la actividad microbiana o la degradación avanzada.

Por ello, la genética forense debe recurrir a metodologías especializadas que permitan recuperar y analizar material genético aun cuando las muestras se encuentren deterioradas, sean escasas o estén contaminadas con inhibidores. En estos escenarios, el ADN puede fragmentarse, disminuir su cantidad, perder

calidad o presentar dificultades para su amplificación e interpretación. La literatura reciente señala que, tras la muerte, cesan los mecanismos celulares de reparación del ADN y el material genético queda expuesto a nucleasas, microorganismos y factores ambientales que aceleran su degradación, por lo que se requieren estrategias analíticas adaptadas a muestras pobremente conservadas (Zupanič Pajnič, 2025). En consecuencia, la aplicación, comparación y validación de métodos de extracción de ADN en tejidos expuestos a ambientes extremos resultan indispensables para fortalecer los procesos de identificación humana, procuración de justicia y restitución de identidad.

II.V. TÉCNICAS DE RECOLECCIÓN DE ADN Y CADENA DE CUSTODIA

Según la Guía Nacional de Cadena de Custodia, es aquel proceso que se lleva a cabo en una investigación de índole delictiva en la que, desde el inicio de la investigación hasta su término, se garantiza la mismidad de todos los indicios relacionados con el hecho delictivo. La Cadena de Custodia es un eje importantísimo para la genética forense, ya que esta se maneja en un laboratorio, lo que hace que la cadena de custodia le ayude a obtener resultados confiables y objetivos.

Como menciona Calderón (2014) probar un hecho delictivo se convierte en un aspecto importante durante una investigación, en este caso tratándose de restos humanos que se encuentran sumergidos en aguas de diferente temperatura, ambiente o contexto el recolectar un indicio asociativo con el hecho y que su mismidad e integridad se garanticen conlleva obtener un resultado que dé respuesta a preguntas que surgen, asimismo garantiza que la recolección del mismo se haga de una manera objetiva y ética siguiendo la Guía Nacional de Cadena de Custodia.

Siguiendo con la idea anterior, la importancia de la cadena de custodia toma relevancia tratándose de indicios biológicos, como mencionan Hernández y colaboradores (2023). La garantía de la integridad e inalterabilidad de un indicio

biológico comienza desde su localización y debe enviarse a la brevedad para su análisis correspondiente, a fin de evitar que se pierda o se contamine. Es por eso que, las técnicas que se utilizan para la recolección de ADN y la cadena de custodia resultan importantes a la hora de llegar al laboratorio, ya que si no se recolectan de manera correcta los resultados pueden no ser ciertos o pueden existir cambios.

Por otro lado, cuando se obtienen correctamente y llegan al laboratorio, pueden ayudar a obtener resultados y a efectuarse de manera lícita. Por ello, las técnicas de recolección, así como la cadena de custodia, son sumamente importantes, lo que indica que la muestra de ADN está íntegra y auténtica para una identificación fiable.

III. JUSTIFICACIÓN

Debido al aumento de la delincuencia organizada en México el hallazgo de cuerpos sin reconocer genera un gran problema, en especial a la hora de identificar estos, sin embargo, uno de los problemas más grandes es cuando estos se encuentran en diferentes condiciones ambientales extremas que con el paso del tiempo el último recurso para la investigación es por medio de la genética forense, a pesar de esto sigue sin tenerse un apoyo para que los genetistas forenses utilicen el mejor método posible para obtener resultados.

Los métodos existentes en México han demostrado ineficacia para identificar restos humanos expuestos a condiciones ambientales extremas y en estado de putrefacción, dada la gran cantidad de restos óseos. De este modo, es de suma importancia conocer más sobre los métodos de aislamiento de ADN que permitan obtener resultados consistentes y saber cómo funciona cada uno de ellos.

Es necesario dar un enfoque hacia el aislamiento de ADN, ya que si se extrae con un buen método se obtendrá ADN de calidad, lo que facilita un análisis correcto, por ende, conlleva garantizar un mejor resultado, lo que marcaría un paso importante en la genética forense, no solo en un marco estudiantil, sino a

un nivel de la investigación de las ciencias forenses.

Al recoger las muestras de los cuerpos, suelen ser muy escasas debido al estado en el que se encuentren los restos humanos, por lo cual las muestras pueden llegar a agotarse en el primer intento de identificar a la persona. Por lo tanto, no se puede repetir la prueba ni reintentar con otro método. Este problema es uno de los principales intereses al identificar un cuerpo.

Debido a las circunstancias antes mencionadas, esta investigación es importante, ya que al comparar los dos métodos de aislamiento de ADN (fenol-cloroformo y TRIzol) en tejido muscular porcino expuesto a condiciones ambientales extremas, comunes en cadáveres abandonados en México, la experimentación permitirá estandarizar los métodos más efectivos para la extracción de ADN en tejidos sometidos a dichas condiciones.

IV. HIPÓTESIS

NULA: La eficiencia de extracción de ADN en tejido muscular porcino expuesto a condiciones ambientales extremas (sumersión) es similar entre los métodos fenol-cloroformo y TRIzol, sin que ninguno presente un rendimiento significativamente superior en cuanto a la cantidad, la calidad o la pureza del ADN obtenido.

ALTERNA: La eficiencia de extracción de ADN en tejido muscular porcino expuesto a condiciones ambientales extremas (sumersión) es mayor con el método fenol-cloroformo que con TRIzol, con un rendimiento significativamente superior en cuanto a la cantidad, la calidad o la pureza del ADN obtenido.

V. PREGUNTA DE INVESTIGACIÓN

¿Cuál de los dos métodos de extracción de ADN (fenol-cloroformo y TRIzol) es más efectivo en cada uno de los tejidos porcinos expuestos a condiciones ambientales extremas (sumersión)?

V. OBJETIVO GENERAL

Comparar la cantidad y la pureza del ADN obtenido mediante dos métodos de extracción (fenol-cloroformo y TRIzol) en tejido muscular porcino expuesto durante 24, 48 y 72 horas de sumersión.

VII.I. OBJETIVOS PARTICULARES

- Simular la degradación del tejido muscular porcino mediante la exposición a condiciones ambientales extremas de sumersión por tres periodos (24, 48 y 72 horas).
- Extraer ADN de las muestras degradadas mediante los métodos fenol-cloroformo y TRIzol.
- Cuantificar el ADN obtenido mediante ambos métodos de extracción.
- Determinar la pureza del ADN extraído mediante parámetros espectrofotométricos
- Comparar la eficiencia de los métodos fenol-cloroformo y TRIzol en función de la cantidad, la calidad y la pureza del ADN obtenido.

VII. MATERIAL Y MÉTODOS

VII.I.DISEÑO

Experimental *in vitro*

VII.II. DEFINICIÓN DEL UNIVERSO

Muestras de tejido muscular porcino

VII.III. TAMAÑO DE LA MUESTRA

El tejido muscular se obtuvo de un porcino, el total de muestras fueron de 24 divididas como se muestra en la siguiente tabla.

Tabla 1. Descripción del número de muestras a procesar por grupo y tejido

TEJIDO MUSCULAR PORCINO			
Grupo	Número de cerdos	Número de réplicas	Subtotal
Control	3	2	6 muestras
Experimental 24 h	3	2	6 muestras
Experimental 48 h	3	2	6 muestras
Experimental 72 h	3	2	6 muestras
TOTAL			24 muestras

VII.IV. DEFINICIÓN DEL GRUPO CONTROL

Tejido muscular sin exposición a la degradación, del cual se aisló el ADN al inicio de la exposición mediante ambos métodos de interés.

VII.V. DEFINICIÓN DE VARIABLES Y UNIDADES DE MEDIDA

Las variables incluidas en el presente estudio se describen en la tabla 2.

Tabla 2. Nombre, descripción, definición, tipo, escala y unidad de las variables del estudio.

Variable	Descripción conceptual	Definición operacional	Tipo de variable	Escala de medición	Unidad de medida
Sumersión con dos métodos	Exposición completa en agua corriente sin purificar ni filtrar por 24, 48 y 72 h.	Sumergir completamente las muestras en un envase de plástico cerrado.	Cualitativa	Nominal	Horas de exposición
Pureza con dos métodos	Se medirá la pureza del ADN obtenido con los dos métodos de interés por Nano espectrofotometría	Nanoespectrofotómetro (Nanodrop 1000, Thermo Fisher Scientific Inc) rango 260/280 nm y 260/230 nm	Cuantitativa	Ordinal	Absorbancia de la muestra (nm)

Concentración con dos métodos	Se medirá la concentración del ADN obtenido con los dos métodos de interés por Nano espectrofotometría	Nano espectrofotómetro (Nanodrop 1000, Thermo Fisher Scientific Inc)	Cuantitativa	Ordinal	ng / μ l
Integridad	Se registrará el patrón de bandeo generado del ADN obtenido con los dos métodos de interés por el método de electroforesis en gel de agarosa al 1%	Técnica de electroforesis de ácidos nucleicos.	Cualitativa	Nominal	Criterios de validez de acuerdo con su puntuación (del 0 al 3)

VII.VI. PROCEDIMIENTO

VII.VI.I Extracción de ADN Fenol Cloroformo

Para extraer el ADN por medio del método Fenol cloroformo se llevó a cabo el siguiente procedimiento:

1. Lavar muestra con 1000 μ L de PBS.
2. Centrifugar a 13,000 RPM por 10 minutos a 4 °C.
3. Eliminar sobrenadante. (Repetir 3 veces).
4. Agregar 30 μ L de Solución de Lisis Celular y 2 μ L de Proteinasa K.
5. Resuspender la muestra (con pipeta).
6. Incubar a 80 °C por 5 minutos.
7. Agregar 1.5 μ L de RNAsa.
8. Mezclar invirtiendo la muestra 25 veces.
9. Incubar a 37 °C por 30 minutos. Temperatura ambiente por 5 minutos.
10. Agregar 100 μ L de Solución de Precipitación de Proteínas.
11. Mezclar con Vortex por 20 segundos.

12. Centrifugar a 13,000 RPM por 10 minutos.
13. Agregar 500 µL de Fenol – cloroformo.
14. Centrifugar 13,000 RPM 10 min.
15. Pasar sobrenadante a nuevo tubo.
16. Agregar 600 µL de Isopropanol 100%.
17. Incubar en hielo 10 minutos.
18. Mezclar invirtiendo el tubo 50 veces.
19. Centrifugar a 13,000 RPM por 10 min.
20. Descartar el Isopropanol y secar.
21. Lavar el “pellet” con 300 µL de Etanol al 70%.
22. Centrifugar a 13,000 RPM por 10 min.
23. Eliminar el Etanol y secar.
24. Agregar 50 µL de Solución de Hidratación.
25. Incubar a 65 °C por 30 min.

Reactivos utilizados durante la experimentación:

- PBS
- Solución de Lisis Celular
- Proteinasa K.
- Solución de Precipitación de Proteínas
- RNAsa
- Fenol – cloroformo
- Isopropanol 100%
- Solución de Hidratación

VII.VI.II Extracción de ADN (TRIzol)

Para extraer el ADN por medio del método TRIzol se llevó a cabo el siguiente procedimiento:

1. Pesar el tejido
2. Agregar TRIzol (Relación TRIzol-Tejido 1:1)
3. Vortexear por cinco segundos
4. Incubar cinco minutos

5. Agregar Cloroformo (200 μ L -1 ml de Trizol)
6. Incubar tres minutos a temperatura ambiente
7. Incubar tres minutos a temperatura ambiente
8. Centrifugar 15 minutos a 12000 RPM en frío
9. transferir la fase acuosa a nuevo tubo
10. Agregar Isopropanol frío (500 μ L - 1ml de TRizol)
11. Homogeneizar por inversión (15 veces)
12. Incubar 10 minutos a temperatura ambiente
13. Centrifugar a 12000 RPM por diez minutos en frío
14. decantar el sobrenadante
15. Repetir pasos 15, 16 y 17
16. Dejar secar el pellet
17. Resuspender en agua libre de DNAsas

Reactivos utilizados durante la experimentación:

- TRizol
- Cloroformo
- Isopropanol
- Etanol (70 %)
- Agua libre de nucleasas

VIII. FLUJO DEL EXPERIMENTO

El proceso estuvo compuesto por ocho pasos, desde el procesamiento de las muestras hasta la exposición a la sumersión y la cuantificación del ADN obtenido (Figura 1).

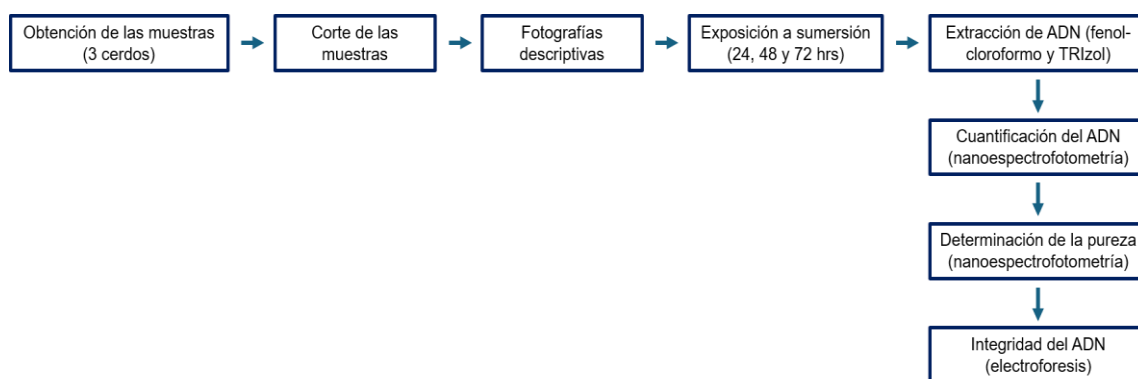


Figura 1. Flujo de trabajo para el procesamiento del experimento

Análisis estadístico

Los datos obtenidos se organizaron en una base de datos, considerando como unidad de análisis cada medición individual de ADN obtenida a partir de las muestras de tejido muscular porcino. Se incluyeron las variables: identificación de la muestra/cerdo, réplica experimental, método de extracción de ADN, tiempo de sumersión, concentración de ADN (ng/μL) y las relaciones de absorbancia 260/280 y 260/230. El diseño experimental incluyó tejido muscular porcino sometido a cuatro condiciones de tiempo: 0 h como control, 24 h, 48 h y 72 h de sumersión. Cada muestra fue procesada mediante dos métodos de extracción: fenol-cloroformo y TRIzol.

Inicialmente, se realizó un análisis descriptivo de las variables cuantitativas. Para la concentración de ADN se calcularon la media, la desviación estándar, los valores mínimo y máximo. Para las relaciones de pureza 260/280 y 260/230 se calcularon la media, la desviación estándar, la mediana, el mínimo y el máximo, ya que estos parámetros se utilizaron como indicadores complementarios de la calidad del ADN obtenido. Los valores negativos de concentración registrados mediante nanoespectrofotometría fueron conservados en la base de datos e interpretados como lecturas instrumentales por debajo del límite de detección, sin ser reemplazados ni eliminados, con el propósito de no modificar artificialmente la variabilidad observada.

Para comparar la concentración de ADN entre los métodos de extracción y los tiempos de sumersión, se aplicó un modelo lineal mixto, considerando la concentración de ADN (ng/μL) como variable dependiente. El método de

extracción, el tiempo de sumersión y la interacción método × tiempo se incluyeron como efectos fijos. La identificación de la muestra/cerdo se incluyó como efecto aleatorio para controlar la variabilidad atribuible a las diferencias entre las muestras biológicas. Esta estructura se seleccionó porque existían mediciones agrupadas por muestra/cerdo y por réplicas experimentales dentro de cada combinación de método y tiempo. Se describe que el método, el tiempo y la interacción método × tiempo fueron considerados en el modelo, mientras que el ID de muestra/cerdo se incorporó como bloque o como efecto aleatorio.

Cuando el modelo mostró efectos estadísticamente significativos, se realizaron comparaciones por pares a partir de las medias marginales estimadas. Para controlar el error por comparaciones múltiples se aplicó el ajuste de Bonferroni. Los resultados se expresaron como diferencia media estimada, error estándar, grados de libertad, valor de p e intervalo de confianza del 95%. Se consideró significativa la diferencia estadística cuando $p < 0.05$. Las relaciones de pureza 260/280 y 260/230, así como los resultados de integridad observados mediante electroforesis en gel de agarosa, se analizaron de forma descriptiva y complementaria, sin incorporarse al modelo lineal mixto, ya que la variable principal de comparación del rendimiento de extracción fue la concentración de ADN.

IX. RESULTADOS

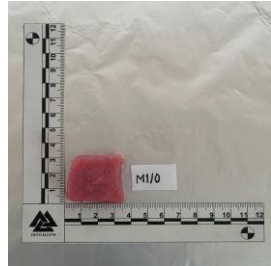
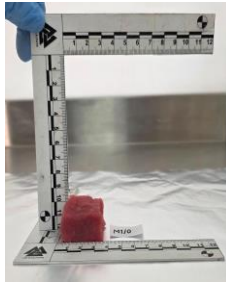
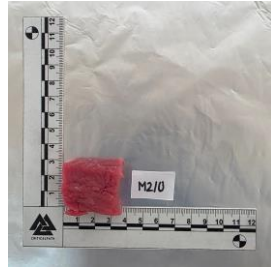
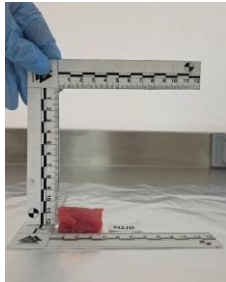
Se obtuvieron 18 muestras de tejido muscular porcino expuestas a degradación por sumersión en tres tiempos diferentes (24, 48 y 72 h) y 6 muestras que fueron procesadas al inicio del experimento como grupo control.

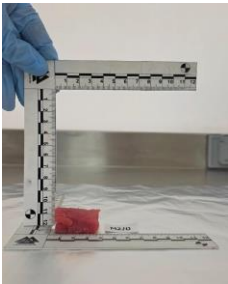
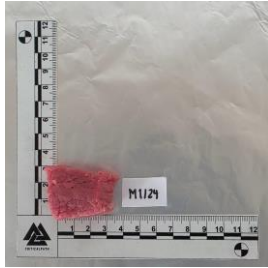
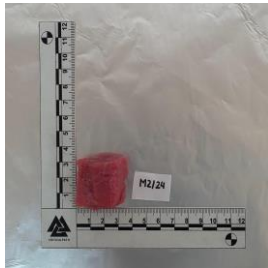
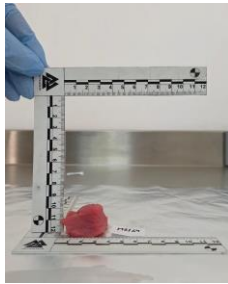
Se registraron los cambios fotográficos y se determinaron la cantidad, la pureza y la integridad del ADN extraído mediante ambos métodos probados (fenol-cloroformo y TRIzol).

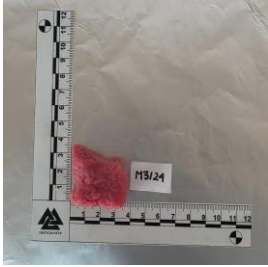
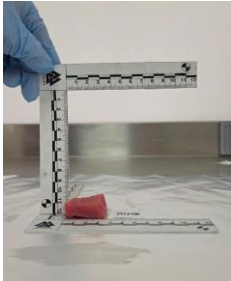
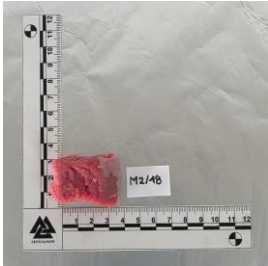
X. CARACTERÍSTICAS DE LAS MUESTRAS DE TEJIDO MUSCULAR

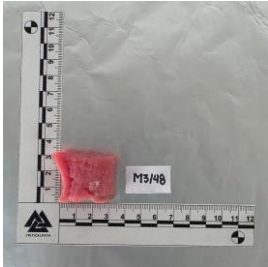
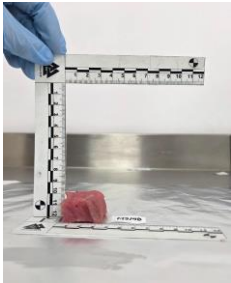
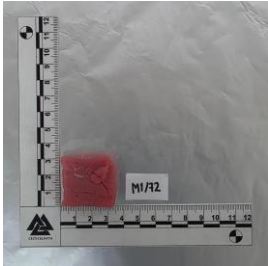
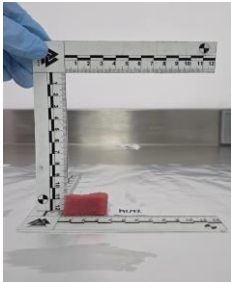
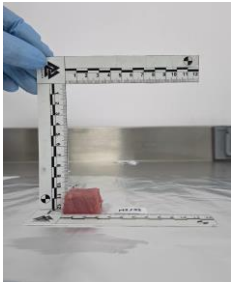
Se registraron cuatro características de los tejidos y se tomaron fotografías comparadas con testigo en dos planos (superior y lateral) (Tabla 3).

Tabla 3. Descripción morfológica de las muestras en función del tiempo de sumersión.

MUESTRA	LARGO	ANCHO	GROSOR	PESO	FOTO VISTA SUPERIOR	FOTO VISTA LATERAL
MUESTRA CONTROL						
M1/0	3.5 cm	3 cm	2.5 cm	18 g		
M2/0	3.5 cm	3 cm	1.5 cm	15 g		

M3/0	4 cm	3 cm	1.5 cm	17 g		
MUESTRA 24 HORAS						
M1/24	3.8 cm	3 cm	1.9 cm	17 g		
M2/24	3.6 cm	3.5 cm	2.3 cm	16 g		

M3/24	3.9 cm	3.5	2.3	18 g		
MUESTRA 48 HORAS						
M1/48	3.4 cm	3.4 cm	1.8 cm	14 g		
M2/48	3.7	3.2 cm	2.2 cm	18 g		

M3/48	3.5 cm	3.3 cm	2.2 cm	18 g		
MUESTRA 72 HORAS						
M1/72	3.4 cm	3.2 cm	1.7 cm	13 g		
M2/72	3 cm	3.3 cm	1.9 cm	15 g		

M3/72	3.6 cm	3.4 cm	2.4 cm	18 g		
-------	--------	--------	--------	------	---	---

XI. RESULTADOS OBTENIDOS SOBRE LA CONCENTRACIÓN Y LA PUREZA DEL ADN.

Se procesaron las muestras mediante ambos métodos de extracción de ADN: fenol-cloroformo y TRIzol. Se determinó la concentración y pureza de las muestras expuestas a sumersión en los tres tiempos (24, 48 y 72 h) (Tabla 4 y 5).

Tabla 4. Identificación de la muestra, concentración y pureza del ADN (260/280 y 260/230) mediante el método TRIzol.

MUESTRA	CONCENTRACIÓN (ng/μl)	ABSORBANCIA 260/280	ABSORBANCIA 260/230
0 HORAS			
M1/A	2,1	-3,43	0,05
M1/B	-8,6	1,69	-0.77
M2/A	9,0	4,05	0,25
M2/B	-9,8	1,80	-2,99
M3/A	-7,5	1,74	5,25
M3/B	8,5	2,46	0,32
24 HORAS			
M1/A	26,1	1,38	0,27
M1/B	23,3	2,29	0,52
M2/A	11,4	2,47	0,33
M2/B	19,6	3,26	0,27
M3/A	36,0	2,44	0,45
M3/B	15,6	1,96	0,25
48 HORAS			
M1/A	9,2	2,25	0,31
M1/B	11,3	2,38	0,43

M2/A	11,1	2,87	0,36
M2/B	-8,3	2,29	5,52
M3/A	-4,8	1,57	-0,85
M3/B	-7,5	1,77	-1,78
72 HORAS			
M1/A	0,8	-1,86	0,05
M1/B	-1,4	0,86	-0,23
M2/A	36,3	2,23	0,55
M2/B	-0,4	1,53	-0,02
M3/A	-8,6	1,97	-12,45
M3/B	13,9	2,18	0,48

Tabla 5. Identificación de la muestra, concentración y pureza del ADN (260/280 y 260/230) mediante el método fenol-cloroformo.

MUESTRA	CONCENTRACIÓN (ng/μl)	ABSORBANCIA 260/280	ABSORBANCIA 260/230
0 HORAS			
M1/A	268,8	1,79	1,70
M1/B	282,3	1,63	1,75
M2/A	332,8	1,79	1,85
M2/B	285,2	1,76	1,81
M3/A	252,9	1,71	1,24
M3/B	312,8	1,69	1,34
24 HORAS			
M1/A	180,8	1,77	1,62
M1/B	124,9	1,45	1,04
M2/A	110,4	1,58	1,54
M2/B	107,4	1,69	1,55

M3/A	74,8	1,45	1,37
M3/B	69,6	1,68	1,49
48 HORAS			
M1/A	112,1	1,54	1,00
M1/B	85,4	1,64	1,33
M2/A	24,8	1,42	1,12
M2/B	132,3	1,73	1,74
M3/A	34,0	1,46	1,24
M3/B	24,2	1,33	1,06
72 HORAS			
M1/A	76,5	1,77	1,54
M1/B	127,4	1,77	1,75
M2/A	118,4	1,43	0,69
M2/B	171,9	1,46	1,52
M3/A	45,0	1,49	1,29
M3/B	49,8	1,59	1,84

XII.COMPARACIÓN ENTRE LOS DOS MÉTODOS DE EXTRACCIÓN DE ADN

Se compararon ambos métodos mediante una regresión lineal mixta. Se incluyeron todas las muestras y réplicas en el estudio (Tabla 6) y se definieron las variables para el modelo estadístico (Tabla 7).

Tabla 6. Distribución de las muestras en el experimento

Componente	Categorías	n
Muestras biológicas	Cerdo 1, Cerdo 2, Cerdo 3	16 por cerdo
Método de extracción	TRIzol, fenol-cloroformo	24 por método
Tiempo de sumersión	0, 24, 48 y 72 h	12 por tiempo
Réplicas	2 por combinación	48 observaciones totales

Tabla 7. Construcción del modelo estadístico para la regresión lineal mixta

Elemento	Función en el análisis
Método	Factor fijo
Tiempo de sumersión	Factor fijo
Método × Tiempo	Interacción
ID de muestra / cerdo	Bloque o efecto aleatorio
Réplica	Repetición experimental dentro de cada combinación

Los resultados de la concentración de ADN varían según el método de extracción empleado (Tabla 8). El fenol-cloroformo registró una concentración media de 141.85 ± 96.74 ng/ μ L, con valores entre 24.20 y 332.80 ng/ μ L. Mientras que el TRIzol fue de 9.44 ± 12.37 ng/ μ L, con valores entre -9.80 y 36.30 ng/ μ L. Es importante destacar que el método TRIzol detectó cinco muestras con valores negativos, considerados lecturas instrumentales por debajo del límite de detección. De manera descriptiva, el método fenol-cloroformo registró concentraciones de ADN más altas que las obtenidas con TRIzol. Sin embargo, esta comparación inicial no considera el efecto del tiempo de sumersión ni la variabilidad entre los animales, por lo que es necesario realizar un análisis factorial mediante un modelo lineal mixto.

Tabla 8. Estadística descriptiva de concentración de ADN por método

Método	n	Media ng/ μ L	DE	Mínimo	Máximo
TRIzol	24	9.44	12.37	-9.8	36.3
Fenol-cloroformo	24	141.85	96.74	24.2	332.8
n= número de muestras analizadas. DE= Desviación estándar					

Los resultados del modelo lineal mixto (Tabla 9) evidenciaron un efecto significativo del método de extracción sobre la concentración de ADN recuperado, $[F(1, 38) = 257.517, p < 0.001]$. Asimismo, el tiempo de sumersión tuvo un efecto significativo, $[F(3, 38) = 32.554, p < 0.001]$. La interacción método × tiempo también fue significativa, $[F(3, 38) = 41.233, p < 0.001]$, lo que indica que la diferencia entre los métodos de extracción varió según el tiempo de exposición en sumersión. En conjunto, los resultados muestran que fenol-

cloroformo presentó una mayor eficiencia de extracción de ADN que TRIzol en tejido muscular porcino, aunque es importante resaltar que la magnitud de esta diferencia dependió del tiempo de sumersión. La varianza atribuible a la muestra no fue significativa ($p > 0.44$), lo que indica que las diferencias entre los cerdos no explicaron la variabilidad en la concentración de ADN cuando se consideraron el método de extracción y el tiempo de sumersión.

Tabla 9. Modelo lineal mixto: pruebas de efectos fijos

Efecto	gl numerador	gl denominador	F	p
Método	1	38	257.517	<0.001
Tiempo	3	38	32.554	<0.001
Método × tiempo	3	38	41.233	<0.001

Resultados obtenidos mediante un modelo lineal mixto, con la concentración de ADN como variable dependiente. El método de extracción, el tiempo de sumersión y la interacción método × tiempo se incluyeron como efectos fijos, mientras que el ID de muestra/cerdo se incluyó como efecto aleatorio. Los valores de p menores que 0.001 indican diferencias estadísticamente significativas. gl: grados de libertad; F: estadístico de prueba.

La comparación por pares de las medias marginales estimadas mostró una diferencia significativa entre los métodos de extracción. Fenol-cloroformo presentó una concentración estimada de ADN de 132.41 ng/μL, mayor que la de TRIzol, con un intervalo de confianza del 95% de 115.71 a 149.12 ng/μL. Esta diferencia fue estadísticamente significativa después del ajuste de Bonferroni ($p < 0.001$), lo que confirma que el fenol-cloroformo presentó un rendimiento significativamente superior en la extracción de ADN (Tabla 10).

Tabla 10. Comparaciones por pares principales

Comparación	Diferencia media estimada ng/μL	DE	gl	p	IC 95%
Fenol-cloroformo – TRIzol	132.41	8.25	38	<0.001	115.71 a 149.12

La comparación se basa en medias marginales estimadas obtenidas mediante un modelo lineal mixto, considerando el método de extracción, el tiempo de sumersión y la interacción método × tiempo como efectos fijos, y el ID de la muestra como efecto aleatorio. La diferencia media estimada corresponde a fenol-cloroformo menos TRIzol. El valor de p se ajustó mediante el método de Bonferroni. DE: error estándar de la diferencia; gl: grados de libertad; IC 95%: intervalo de confianza al 95%.

Las comparaciones por pares de los tiempos de sumersión mostraron diferencias significativas entre el grupo de control (0 h) y los tres tiempos de exposición. La

concentración estimada de ADN fue significativamente mayor a 0 h que a 24 h, 48 h y 72 h, con diferencias medias estimadas de 77.38 ng/μL, 106.05 ng/μL y 90.14 ng/μL, respectivamente; en todos los casos, $p < 0.001$. En contraste, no se observaron diferencias estadísticamente significativas entre los tiempos de 24, 48 y 72 h. (Tabla 11).

Tabla 11. Comparaciones por pares entre tiempos de sumersión para la concentración de ADN

Comparación	Diferencia media estimada ng/μL	p
0 h vs 24 h	77.38	<0.001
0 h vs 48 h	106.05	<0.001
0 h vs 72 h	90.14	<0.001
24 h vs 48 h	28.66	0.112
24 h vs 72 h	12.76	1.000
48 h vs 72 h	15.91	1.000
Comparaciones por pares basadas en las medias marginales estimadas del modelo lineal mixto. Los valores de p se ajustaron mediante el método de Bonferroni. Diferencia media expresada en ng/μL.		

Las medias marginales estimadas del modelo lineal mixto mostraron que fenol-cloroformo presentó concentraciones superiores a las de TRIzol en todos los tiempos de sumersión. En TRIzol, las medias estimadas se mantuvieron bajas, con valores de -1.05, 22.00, 7.19 y 9.63 ng/μL a 0, 24, 48 y 72 h, respectivamente. En contraste, fenol-cloroformo presentó medias estimadas de 289.13, 111.32, 68.80 y 98.17 ng/μL en los mismos tiempos. Estos resultados indican un mayor rendimiento estimado de fenol-cloroformo frente a TRIzol durante todo el periodo experimental (Tabla 12).

Tabla 12. Medias marginales estimadas de la concentración de ADN según método de extracción y tiempo de sumersión obtenidas mediante modelo lineal mixto

Método	Tiempo	Diferencia media estimada (ng/μL)	EE	IC 95% inferior	IC 95% superior
TRIzol	0 h	-1.05	13.8	-31	28.9
	24 h	22	13.8	-7.95	51.95
	48 h	7.19	13.8	-22.76	37.14
	72 h	9.63	13.8	-20.32	39.59

Fenol-cloroformo	0 h	289.13	13.8	259.18	319.09
	24 h	111.32	13.8	81.36	141.27
	48 h	68.8	13.8	38.85	98.75
	72 h	98.17	13.8	68.21	128.12

Las medias marginales estimadas se obtuvieron mediante un modelo lineal mixto, con el método de extracción, el tiempo de sumersión y la interacción método × tiempo como efectos fijos, y el ID de la muestra como efecto aleatorio. EE: error estándar; IC 95%: intervalo de confianza del 95%.

En cuanto a los indicadores de pureza obtenidos mediante nanoespectrofotometría, la relación 260/280 tuvo una media de 1.76 ± 1.52 para TRIzol y de 1.61 ± 0.15 para fenol-cloroformo. La mediana fue de 2.08 en TRIzol y de 1.64 en fenol-cloroformo. Aunque ambos métodos mostraron valores cercanos al rango esperado para ADN en algunos casos, TRIzol mostró mayor variabilidad, como lo evidencia su desviación estándar elevada y el amplio rango de valores. En la relación 260/230, TRIzol presentó una media de 0.89 ± 3.01 y una mediana de 0.29, mientras que el fenol-cloroformo mostró una media de 1.44 ± 0.29 y una mediana de 1.52. Esto sugiere que el fenol-cloroformo proporciona resultados más estables en la relación 260/230, mientras que TRIzol presenta mayor variabilidad, posiblemente debido a la baja concentración de ADN o interferencias en la lectura (Tabla 13).

Tabla 13. Estadística descriptiva de las relaciones de pureza 260/280 y 260/230 según el método de extracción.

Variable	Método	Media	DE	Mediana	Mínimo	Máximo
260/280	TRIzol	1.755	1.52163	2.075	1.1125	2.3975
260/280	Fenol-cloroformo	1.6122	0.14557	1.64	1.5492	1.6751
260/230	TRIzol	0.8938	3.01264	0.29	-0.3784	2.1659
260/230	Fenol-cloroformo	1.44	0.28896	1.52	1.315	1.565

Las relaciones 260/280 y 260/230 se presentan como indicadores complementarios de pureza del ADN. Valores extremos o alejados de los rangos esperados pueden asociarse con baja concentración, interferencias de lectura o presencia de contaminantes. DE: desviación estándar.

XIII. RESULTADOS SOBRE LA INTEGRIDAD DE LAS MUESTRAS PROCESADAS CON AMBOS MÉTODOS.

En la electroforesis del ADN obtenido con fenol-cloroformo, a los 40 segundos de exposición, se observan bandas más intensas y definidas que en las muestras

procesadas con TRIzol. Este patrón coincide con los resultados cuantitativos previos, en los que el método fenol-cloroformo mostró una concentración promedio de ADN más alta (Figura 2). En contraste, las muestras extraídas con TRIzol presentan bandas menos intensas, algunas con baja resolución o señal débil, lo que indica una menor recuperación de ADN en las condiciones evaluadas (Figura 3). Estos resultados visuales respaldan la tendencia observada en los análisis estadísticos, en los que TRIzol mostró concentraciones menores y mayor inestabilidad en algunas mediciones.

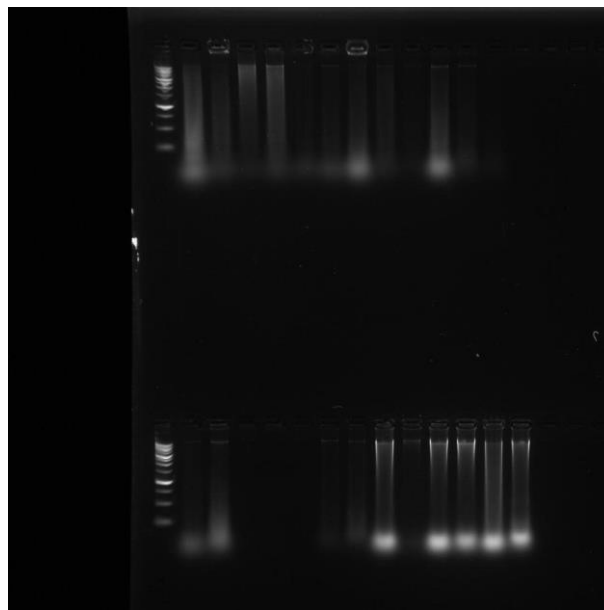


Figura 2. Resultados de electroforesis del ADN procesado por fenol-cloroformo (40 segundos de exposición)

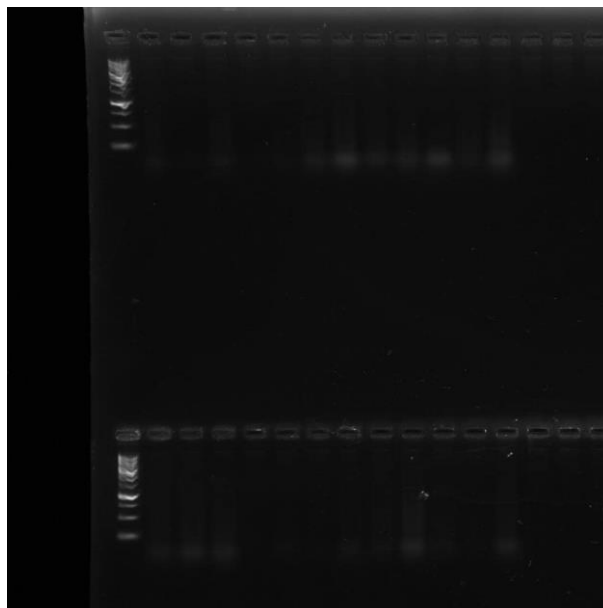


Figura 3. Resultados de electroforesis del ADN procesado TRIzol (40 segundos de exposición)

XIV.DISCUSIÓN

Los resultados de esta investigación muestran que el método fenol-cloroformo presentó un mayor rendimiento en la recuperación de ADN a partir de tejido muscular porcino sometido a sumersión, en comparación con TRIzol. Esta diferencia fue evidente tanto en los valores de concentración como en la pureza e integridad del ADN obtenido. Este hallazgo coincide con lo reportado por Uerlings *et al.* (2021), quienes señalaron que la identificación genética de cuerpos en putrefacción es un reto frecuente en el ámbito forense debido a la degradación del ADN, lo que puede dificultar el análisis posterior de las muestras para determinar la huella genética. La elección del método de extracción es crucial, ya que determina la cantidad y la calidad del ADN para análisis posteriores.

La ventaja del fenol-cloroformo se debe a que los métodos orgánicos pueden recuperar ADN incluso en muestras dañadas, aunque su efectividad varía según el tipo de tejido, el grado de degradación y la presencia de inhibidores. Kuś *et al.* (2016) indicaron que el método fenol-cloroformo se considera uno de los más

efectivos para muestras óseas degradadas, aunque también señalaron desventajas importantes, como la toxicidad de los reactivos, el mayor tiempo de procesamiento y la mayor cantidad de muestra necesaria. En esta investigación, aunque se trabajó con tejido muscular en lugar de óseo, el comportamiento favoreció al fenol-cloroformo. Esto sugiere que puede resultar útil para recuperar ADN de muestras sometidas a condiciones adversas, como la sumersión.

El tiempo de sumersión también tuvo un efecto importante, ya que las muestras control mostraron concentraciones mucho mayores que las expuestas a 24, 48 y 72 h. Esta disminución es coherente con los mecanismos de degradación post mortem descritos previamente en otros estudios. Zupanič Pajnič (2025) explica que, tras la muerte, el ADN se expone a nucleasas, actividad microbiana, hidrólisis, oxidación y otros procesos ambientales que fragmentan el material genético. La humedad y el agua favorecen la hidrólisis y la actividad microbiana, lo que compromete la conservación del ADN en ambientes sumergidos, especialmente en tejidos blandos. Sin embargo, no se observó una reducción significativa entre 24, 48 y 72 h; esto se interpreta como que el deterioro fue mayor al pasar del control a las muestras sumergidas, sin un incremento lineal con el tiempo.

Desde un punto de vista forense, estos hallazgos subrayan la importancia de probar experimentalmente los métodos de extracción antes de usarlos en muestras degradadas o con cantidades pequeñas. Hernández *et al.* (2020) destacan que los indicios biológicos forenses frecuentemente se encuentran en condiciones adversas, afectados por la cantidad, la calidad, la degradación, la inhibición de la PCR o la modificación química del ADN, lo que hace que la extracción y la cuantificación sean fases cruciales para obtener perfiles genéticos confiables. En este sentido, los resultados respaldan la hipótesis de que el fenol-cloroformo es más eficiente que TRIzol para recuperar ADN de tejido muscular porcino sumergido. Sin embargo, esta interpretación debe considerarse evidencia preliminar, dado que el modelo porcino, el tamaño de la muestra y la evaluación centrada en la concentración y la pureza no sustituyen la validación

completa mediante la generación de perfiles genéticos humanos.

Cruz (2019) reporta que se emplean métodos científicos para analizar y obtener resultados, lo que da como resultado un perfil genético. En este sentido, para tejidos expuestos a la sumersión durante diferentes lapsos de tiempo, el fenol-cloroformo puede aplicarse en situaciones en las que la identificación mediante métodos convencionales resulte compleja, dado que mostró una mayor eficiencia significativamente superior a la del TRIzol. Si bien los métodos que actualmente se utilizan en los laboratorios han demostrado ser útiles para los diversos delitos que atraviesa México, en casos altamente complejos, un método estandarizado es la respuesta clave para los casos forenses que requieren una respuesta inmediata.

Es importante resaltar que debido a la falta de una estandarización en los métodos de extracción de ADN en diferentes condiciones no es posible garantizar un resultado positivo ya que como pudimos observar en el caso de muestras expuestas a sumersión es más eficaz realizar la extracción por medio de la técnica de fenol-cloroformo esto después de haber realizado la experimentación necesaria, esto genera un antecedente importante dentro de la investigación en genética forense ya que de esta manera se podrá realizar la extracción de ADN con el método que más favorezca al tipo de muestra analizada. Como bien señala Aguilar (2023) en México no existe una regulación sobre la cantidad de marcadores que deben tenerse en cuenta para la resolución de un caso forense, esto especialmente en muestras degradadas, por lo que un método estandarizado proporciona mejores resultados.

Según de la Barrera (2025) las herramientas forenses han tenido una evolución importante desde métodos tradicionales como lo es la dactiloscopia hasta los métodos que brinda la genética forense, teniendo como resultado un progreso significativo en dicho ámbito; asimismo la capacidad de extraer y analizar el ADN se convirtió en un pilar esencial para la resolución de hechos delictivos con mayor eficiencia, debido a la precisión técnico-científico con la que se manejan el tipo

de muestras utilizando la técnica adecuada para así evitar agotar los recursos con los que se cuentan.

XV. CONCLUSIONES

En consonancia con el objetivo general planteado al inicio de esta investigación, se puede concluir que la pureza y la cantidad del ADN extraído de tejidos porcinos dependen de la técnica empleada. Durante la experimentación se aplicaron dos técnicas (Fenol-cloroformo y TRIzol) en tejido muscular porcino sometido a sumersión durante 24, 48 y 72 horas, lo que demostró que la técnica de Fenol-cloroformo presentó mayor rendimiento en cuanto a pureza y cantidad, en comparación con la técnica de TRIzol, debido a que los valores de concentración del ADN obtenido fueron más favorables con dicha técnica.

Por otro lado, se observó que la estacionalidad fue un factor importante que favoreció la pureza y calidad del ADN extraído, debido a que la muestra control arrojó un resultado positivo en comparación con los tejidos que fueron sometidos en distintos periodos, por lo que el tiempo y la técnica de extracción son importantes para este tipo de casos en los que un tejido ha sido expuesto a una condición extrema como lo es la sumersión.

Esta investigación da paso a la estandarización de la técnica, que brinda un resultado más eficiente y evita que se agote la muestra, en especial en tejidos expuestos a la sumersión, dado que en México la identificación de cuerpos es un pilar fundamental debido a la situación por la que actualmente atraviesa el país.

XVI. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Aguilar-Velázquez, JA . 2023. Perspectiva general de la genética y la genómica forense en México. Artículo de difusión/ divulgación. Revista Digital de Ciencia Forense. 2(3): 48-91 pp. https://www.researchgate.net/profile/Jose-Aguilar-Velazquez/publication/375633258_REVISTA_DIGITAL_DE_CIENCIA_F

ORENSE_Perspectiva_general_de_la_genetica_y_la_genomica_forense_en_Mexico/links/65539fb1b86a1d521be29f9e/REVISTA-DIGITAL-DE-CIENCIA-FORENSE-Perspectiva-general-de-la-genetica-y-la-genomica-forense-en-Mexico.pdf

- Álvarez-Cubero, M.J., Mtnez.-Gonzalez, L.J., Saiz, M., Álvarez, J.C., & Lorente, J.A.. (2010). Nuevas aplicaciones en identificación genética. Cuadernos de Medicina Forense, 16(1-2), 5-18. Recuperado en 01 de abril de 2025, de http://scielo.isciii.es/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1135-76062010000100002&lng=es&tlng=es.
- Butler, J. M. (2005). Forensic DNA typing: Biology, technology, and genetics of STR markers (2nd ed.). Elsevier Academic Press. <https://shop.elsevier.com/books/forensic-dna-typing/butler/978-0-08-047061-0>
- Caiza Coello, J. L., Castillo Parra , R. D., López Pino, J. G., & Moncayo Cevallos, J. E. (2024). Identificación humana en cadáveres del Ecuador: avances y desafíos en técnicas forenses. Anatomía Digital, 7(2.2), 54-75. <https://doi.org/10.33262/anatomiadigital.v7i2.2.3054>
- Calderón Arias, Emma. (2014). Un estudio comparado en Latinoamérica sobre la cadena de custodia de las evidencias en el proceso penal. Revista de la Facultad de Derecho y Ciencias Políticas, 44(121), 425-459. Retrieved April 17, 2026, from http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0120-38862014000200002&lng=en&tlng=es
- Chávez, I. (2013). Estudio de la criminalística en el nuevo perfil profesional del agente del Ministerio público federal. (Tesis para obtener el título de licenciado en derecho). Universidad Nacional Autónoma de México. <http://132.248.9.195/ptd2013/noviembre/0705833/0705833.pdf>
- Comisión Interamericana de Derechos Humanos. (2026). CIDH publica informe sobre desaparición de personas en México. Organización de los Estados Americanos.

<https://www.oas.org/es/CIDH/jsForm/?File=%2Fes%2Fcidh%2Fprensa%2Fcomunicados%2F2026%2F082.asp&utm>

- Comisión Nacional de Búsqueda. (2020). Protocolo Homologado para la Búsqueda de Personas Desaparecidas y No Localizadas. Gobierno de México.
https://www.gob.mx/cms/uploads/attachment/file/551671/PPHB_Versi_n_para_fortalecimiento_5may2020__2_.pdf
- Comisión Nacional de Búsqueda. (s. f.). Versión pública del Registro Nacional de Personas Desaparecidas y No Localizadas. Gobierno de México <https://versionpublicarnpdno.segob.gob.mx/>
- Cruz Hernández, J. (2019). La genética forense en la Fiscalía General de la República, obtención de perfiles genéticos y el ADN mitocondrial. Universidad Autónoma Metropolitana 1-22,
- Cruz Infante, N. (2022, 1 de febrero). Ventajas y desventajas de las ciencias forenses. Scribd.
<https://www.scribd.com/document/624556516/ventajas-y-desventajas-de-las-ciencias-f-orenses>
- de la Barrera Escamilla, Daniel. (2025). Implicaciones técnico-jurídicas de la genética forense en la investigación criminal contemporánea. Revista Logos Ciencia & Tecnología, 17(2), 214-239. Epub August 01, 2025.
<https://doi.org/10.22335/rlct.v17i2.2119>
- Gambini, L., & Fonseca, G. M. (2022). Implantes dentales para la identificación forense en incineraciones: Recomendaciones a partir de una revisión con búsqueda sistemática. Odontoestomatología, 24(39), Article e314.
<https://doi.org/10.22592/ode2022n39e314>
- Gill, P., Jeffreys, A. J., & Werrett, D. J. (1985). Forensic application of DNA "fingerprints". Nature, 318(6046), 577–579.
<https://doi.org/10.1038/318577a0>
- Heidary, M., & Pahlevan Kakhki, M. (2014). TRIzol-based RNA extraction: A reliable method for gene expression studies. Journal of Sciences,

- Islamic Republic of Iran, 25(1), 13–17.
https://jsciences.ut.ac.ir/article_50483_c0ec39be3a0080afa62cfcc304f8b6dd.pdf
- Hernández Barrales, M. (2020). La Genética Forense en el Sistema Penal Acusatorio y Adversarial: Implicaciones actuales. <https://doi.org/10.25009/.V5I2SUPL.2784>.
 - Hernandez-Salas C., Moreno-Longoria J., Olarte-Saucedo M., Meza-Lamas F., Flores-Treviño N. (2023). Importancia de la correcta manipulación de indicios biológicos para la genética forense. *Enfermería, Innovación Y Ciencia*, 5(1), 83-95. <https://doi.org/10.60568/eic.v4i1.1558>
 - Hinke, Nina. (2003). Las huellas del ADN. *Ciencias* 71, julio-septiembre, 30-31. <https://www.revistacienciasunam.com/pt/82-revistas/revista-ciencias-71/676-las-huellas-de-adn.html>
 - Hombreiro, L., Serrulla, F., Cascallana, J. L., Del Río, I., & Fernández Liste, A. (2015). Estudio descriptivo de los factores de contaminación en las tomas forenses de muestras de ADN. *Cuadernos de Medicina Forense*, 21(3-4), 108–117. https://scielo.isciii.es/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S113576062015000200
 - International Organization for Standardization. (2017). ISO/IEC 17025:2017. General requirements for the competence of testing and calibration laboratories. ISO. <https://www.iso.org/standard/66912.html>
 - Kuś M, Ossowski A, Zielińska G, Comparison of three different DNA extraction methods from a highly degraded biological material, *Journal of Forensic and Legal Medicine* (2016), doi: 10.1016/j.jflm.2016.03.002.
 - Lareu, M. V. (2008). Introducción a la genética forense [Material de seminario]. Máster en Bioeconomía y Biotecnología, Universidad de Murcia. https://www.um.es/biomybiotec/web/Seminarios/2008/papers/MV_Lareu_clase_genetica_forense.pdf
 - López-Olvera, C. P (2021) Enseñanza judicial para la valoración de pruebas científicas en el sistema procesal acusatorio. Una aproximación

desde el constructivismo jurídico complejo y las tecnologías de la información y de la comunicación. Instituto de investigaciones jurídicas.

ISBN

978-607-30-5229-0

<https://archivos.juridicas.unam.mx/www/bjv/libros/14/6739/7.pdf>

- Marcos-Merino, José María, Gallego, Rocío Esteban, & Ochoa de Alda, Jesús Gómez. (2019). Extracción de ADN con material cotidiano: desarrollo de una estrategia interdisciplinar a partir de sus fundamentos científicos. *Educación química*, 30(1), 58-69. Epub 14 de octubre de 2019. <https://doi.org/10.22201/fq.18708404e.2019.1.65732>
- Muñoz Agudelo P.C. (2022). Consideraciones científico-jurídicas, en cuanto al uso del ADN en la identificación de restos humanos. [Trabajo de grado especialización]. Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia.
- Oficina en México del Alto Comisionado de las Naciones Unidas para los Derechos Humanos. (2022). La ONU-DH saluda la creación del Centro Nacional de Identificación Humana como parte de la respuesta a la crisis forense. <https://hchr.org.mx/comunicados/la-onu-dh-saluda-la-creacion-del-centro-nacional-de-identificacion-humana-como-parte-de-la-respuesta-a-la-crisis-forense/>
- Pajnič, I. Z. (2025). Analysis of human degraded DNA in forensic genetics. *Forensic Sciences*. <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC12652486/>
- Pérez Sánchez, G. (2022). Método para la extracción y purificación de ADN en restos óseos humanos, para el estudio de los polimorfismos, mediante el kit de amplificación Identifiler (16 STR) (Tesis para obtener el título de Licenciada en Biología). Benemérita Universidad Autónoma de Puebla.
<https://repositorioinstitucional.buap.mx/server/api/core/bitstreams/dcae2a4e-66b9-4f85-b17f-73e3b706dfc2/content>
- Prieto Solla, L. (2009). Estudio de polimorfismos de ADN en restos humanos antiguos y muestras forenses: Críticas, valoración de estrategias y resultados (Memoria para optar al grado de doctor). Universidad Complutense de Madrid.

<http://www.scielo.org.co/pdf/racefn/v41n161/0370-3908-racefn-41-161-00447.pdf>

- Prinz, M., Carracedo, A., Mayr, W. R., Morling, N., Parsons, T. J., Sajantila, A., Scheithauer, R., Schmitter, H., & Schneider, P. M. (2007). DNA Commission of the International Society for Forensic Genetics: Recommendations regarding the role of forensic genetics for disaster victim identification. *Forensic Science International: Genetics*, 1(1), 3–12. [https://www.fsigenetics.com/article/S1872-4973\(06\)00003-2/abstract](https://www.fsigenetics.com/article/S1872-4973(06)00003-2/abstract)
- Ríos-Sánchez, E., Calleros, E., González-Zamora, A., Rubio, J., Martínez, O. C., Martínez, A., Hernández, S., & Pérez-Morales, R. (2016). Análisis comparativo de diferentes métodos de extracción de DNA y su eficiencia de genotipificación en población mexicana. *Acta Universitaria*, 26(4), 56-65. doi: 10.15174/au.2016.1078
- Salazar-Moscoso, Yuly Marcela, Martínez-Garro, Juliana, Guzmán-González, Pablo Andrés, & Plese, Tinka. (2022). Extracción de ADN usando métodos mínimamente invasivos en *Xenarthra* orden Pilosa, una contribución a su conservación. *Actualidades Biológicas*, 44 (116), e6. Publicación electrónica del 26 de mayo de 2022. <https://doi.org/10.17533/udea.acbi.v44n116a06>
- Schmerer, W. M. (2024). Extraction of human DNA from soil: Protocol adaptations. <https://arxiv.org/abs/2405.12422>
- Sierra, W. U., del Castillo-Sabogal, H., & Espitia-Ortiz, T. (2017). Protocolo unificado de digestión y descalcificación de tres métodos de extracción de ADN de restos humanos. *Revista Académica Colombiana de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales*, 41(161), 447-455. <https://docta.ucm.es/rest/api/core/bitstreams/8ece76ee-ed07-421f-8824-14777f371b98/content>
- Turpo-Claudio, Denisse Linda, & Turpo-Claudio, Stefani Angie. (2025). Identificación humana por ADN dental en la escena del crimen: del análisis de marcadores genéticos a su extracción forense. *Revista Estomatológica Herediana*, 35(4), 345-352. Epub 30 de diciembre de 2025. <https://doi.org/10.20453/reh.v35i4.7142>

- Uerlings, S., Welter, V., Madea, B., & Grabmüller, M. (2021). Comparative analysis of DNA extraction processes for DNA-based identification from putrefied bodies in forensic routine work. *_Forensic Science International_*, *_317_*, 110707. <https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2021.110707>
- Universidad Nacional Autónoma de México. (2014). Licenciatura en Ciencia Forense: Presentación ejecutiva. Universidad Nacional Autónoma de México. <https://www.enacif.unam.mx/wp-content/uploads/2015/02/presentaEjecutiva.pdf>
- Villanueva, J., & Matamoros Zelaya, M. (2016). Ciencias forenses y pruebas presuntivas (Forensics science and presumptive test). *Revista de Ciencias Forenses de Honduras*, *2(2)*, 45–54. <https://portal.amelica.org/ameli/journal/153/153815007/html/>
- Zupanič Pajnič, I. (2025). Analysis of human degraded DNA in forensic genetics. *Genes*, *16(11)*, 1375. <https://doi.org/10.3390/genes16111375>